

State of New York)
) ss:
County of the Bronx)

TRANSLATOR'S AFFIDAVIT

I, Ruth Goldstein, a citizen of the United States of America, residing in Ft. Lee, New Jersey, depose and state that:

I am familiar with the English and German languages;

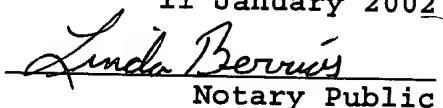
I have read a copy of the German-language document attached hereto, namely Certified Copy of German Patent Application 198 31 609.7 as filed on 14 July 1998 (Priority Document); and

The hereto-attached English-language text is an accurate translation of the above-identified German-language document.



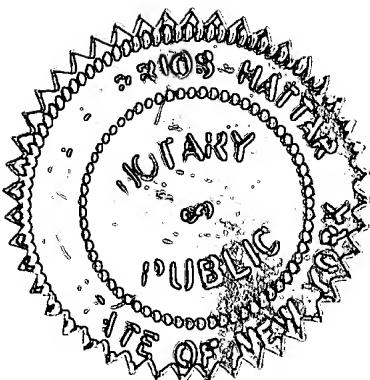
Ruth Goldstein

Sworn to and subscribed before me
11 January 2002



Linda Berry
Notary Public

LINDA BERRIUS
Notary Public State of New York
No. 01BE5016825
Qualified in Bronx County
Commission expires August 23, 2005



Forschungszentrum Jülich GmbH

D E S C R I P T I O N

METHOD FOR MICROBIAL PRODUCTION OF AMINO ACIDS OF THE ASPARTATE FAMILY AND AGENTS WHICH CAN BE USED IN SAID METHOD

5

The invention relates to a method of microbial production of amino acids of the aspartate family according to claims 1 to 17, to the pyruvate-carboxylase gene according to claims 18 to 23, gene structures according to claim 24, vectors according to claim 25, transformed cells according to claims 26 to 31 as well as to uses according to claims 32 to 37.

10

Amino acids are of considerable economic interest since amino acids have many uses: thus, for example, L-lysine and L-threonine, L-methionine and L-tryptophan are necessary as fodder additives, L-glutamate as a spice additive, L-isoleucine and L-tyrosine in the pharmaceutical industry, L-arginine and L-isoleucine as medicaments or L-glutamate, L-aspartate and L-phenylalanine as starting substances for the synthesis of fine chemicals.

15

A preferred method of producing these different amino acids is the biotechnical production by means of microorganisms such that in this manner the biologically-effective and optically-active forms of the respective amino acids are obtained and simple and inexpensive raw materials can be used. As microorganisms, for

example, *Corynebacterium glutamicum* and its derivatives *ssp. Flavum* and *ssp. Lactofermentum* (Liebl et al., Int J System Bacteriol 1991, 41: 255 to 260) in addition to *Escherichia coli* and related bacteria are used.

5 These bacteria normally produce the amino acids but only in amounts required for growth so that no surplus amino acids are formed and can be recovered. This is because in the cells the biosynthesis of amino acids is controlled in many ways. As a consequence, there are already known various processes to increase 10 the product formation by cutting out the control mechanisms. In these processes, for example, amino acid analogs are introduced to switch off the effective regulation of the biosynthesis. For example, a process is described wherein *Corynebacterium* stems 15 resistant to L-tyrosine analogs and L-phenylalanine analogs have been used (JP 19037/1976 and 39517/1978). Also processes have been described in which bacteria resistant to L-lysine analogs or L-phenylalanine analogs have been used to suppress the control mechanisms (EP 0 205 849, GB 2 152 509).

20 Furthermore, microorganisms which have been constructed also by recombinant DNA-technique which also obviate regulation of biosynthesis in that the gene which is coded in the no-longer feedback-inhibited key enzyme is cloned and expressed. For example, the recombinant L-lysine-producing bacterium with plasmid-coded feedback-resistant aspartate kinase is known (EP 0 381 527). 25 In addition, a recombinant L-phenylalanine-producing bacterium with

feedback-resistant prephenate dehydrogenase is described (JP 123475/1986, EP 0 488 424).

In addition, by overexpression of genes which do not code for feedback-sensitive enzymes as amino acid synthesis, increased 5 amino acid yields are obtainable. thus, for example, a lysine formation can be improved by increased synthesis of the dihydridipicolinate synthesis (EP 0 197 335). *Increasingly, by* increased synthesis of the threoninedehydratase, improved isoleucine formation is achieved (EP 0 436 886).

10 Further investigations in increasing amino acid production have been targeted on the improved availability of the cellular primary metabolites of central metabolism. Thus it is known that, by recombinant techniques, over-expression of the transketolase can bring about an improved product formation of L- 15 tryptophan or L-tyrosine or L-phenylalanine (EP 0 600 463). Furthermore, the reduction of the phosphoenolpyruvate-carboxylase activity in *Corynebacterium* leads to improved formation of aromatic amino acids (EP 0 3331 145) whereas by contrast the increase in the phosphoenolpyruvate-carboxylase activity in *Corynebacterium* leads 20 to increased separation out of amino acids of the aspartate family (EP 0 358 940).

25 During the growth and especially under amino acid production conditions, the tricarboxylic acid cycle must continuously and effectively be supplemented with C4 compounds, for example, oxalic acetate to replace intermediate products withdrawn for the amino acid biosynthesis. Until recently it has been

thought that phosphoenolpyruvate-carboxylase was answerable for these so-called anaplerotic functions in *Corynebacterium* (Kinoshita, *Biology of Industrial Micro-organisms* 1985: 115 to 142, Benjamin/Cummings Publishing Company, London; Liebl, *The Prokaryotes II*, 1991 to 1171, Springer Verlag N.Y.; Vallino and Stephanopoulos, *Biotechnol Bioeng* 1993, 41: 633 to 646).

It has, however, now been found that phosphoenolpyruvate-carboxylase-negative mutants grow equally by comparison to the respective starting strains on all media (Peters-Wendisch et al., *FEMS Microbiology Letters* 1993, 112: 269 to 274; Gubler et al., *Appl Microbiol Biotechnol* 1994, 40: 857 to 863). These results indicate that the phosphoenolpyruvate-carboxylase is not essential for the growth and plays no role or only a small role for the anaplerotic reactions. Furthermore the aforementioned results indicate that in *Corynebacterium* another enzyme must be provided which is answerable for the synthesis of oxalacetate which is required for the growth. Recently, indeed, a pyruvate-carboxylase activity has been found in permeabilized cells of *Corynebacterium glutamicum* (Peters-Wendisch et al., *Microbiology* 1997, 143: 1095 to 1103). This enzyme is effectively inhibited by AMP, ADP and acetyl coenzyme A and in the presence of lactate as a carbon source is formed in increased quantities. Since one must conclude that this enzyme is answerable primarily for the satisfaction of the tricarboxylic acid cycle of growth, it was to be expected that an increase in the gene expression or the enzymatic activity would

either give rise to no increase in the amino acids belonging to the aspartate or yield only an increase therein.

It has surprisingly been found that an increase in the pyruvate-carboxylase activity by genetic modification of the enzyme and/or by increasing the pyruvate-carboxylase gene expression, the microbial production of amino acids of the aspartate family can be increased. It has been found that especially strains with increased copy numbers of the pyruvate-carboxylase gene can produce about 50% more lysine, 40% more threonine and 150% more homoserine in the culture medium.

The genetic alteration of the pyruvate-carboxylase to increase the enzyme activity is effected preferably by mutation of the endogenous gene. Such mutation can either be achieved by classical methods like, for example, by UV irradiation or by mutation triggering chemicals or targeted by means of gene technological methods like deletion, insertion and/or nucleotide exchange.

The pyruvate-carboxylase gene expression is increased by increasing the gene copy number and/or by reinforcing regulatory factors which positively influence the expression of the gene. Thus a reinforcement of regulatory elements, preferably on the transcription plane can be effected in that especially the transcription signals are increased. This can be effected, for example, by varying the promoter sequence of the promoter preceding the structure gene to enhance its effectiveness or by replacing the promoter completely by more effective promoters. A reinforcement

of the transcription can also be effected by a corresponding influence on a regulator gene associated with the pyruvate-carboxylase gene. This can be achieved, for example, by mutation of a regulatory gene sequence to influence the effectivity of the 5 binding of a regulator protein to the DNA of the pyruvate-carboxylase gene which is regulated so that the transcription is thereby enhanced and thus the gene expression is increased. Furthermore the pyruvate-carboxylase gene can also be associated with a so-called "enhancer" as a regulatory sequence and which by 10 means of an improved interchange between RNA polymerase and DNA also effects an increased pyruvate-carboxylase gene expression. However, a reinforcement of translations is also possible in that, 15 for example, the stability of the m-RNA is improved.

For increasing the gene copy number the pyruvate-carboxylase gene is built into a gene construct or vector. The gene construct contains especially the regulatory sequences associated with the pyruvate-carboxylase gene, preferably those which reinforce the gene expression. For the incorporation of the pyruvate-carboxylase gene in a gene construct, the gene is 20 progressively isolated from a microorganism strain of the *Corynebacterium* variety and is transformed in an amino-acid producing microorganism strain, especially *Corynebacterium* or in *Escherichia coli* or *serratia marcenscens*. For the process of the invention, especially genes from *C. glutamicum* or *C. glutamicum* 25 ssp. *flavum* or *C. glutamicum* ssp. *lactofermentum* are suitable. After isolation of the gene and in the in vitro recombination with

known vectors (see for example Simon et al., Bio/Technology 1983, 1: 784 to 791; Eikmanns et al., Gene 1991, 102: 93 to 98), the transformation is effected in the amino-acid producing strain by electroporation (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters 1991, 65: 5 299 to 304) or conjugation (Schäfer et al., J. Bacteriol 1990, 172: 1663 to 1666). As the host strain preferably such amino-acid producers are used which have been deregulated in the synthesis of the corresponding amino acid and/or show an increased export carrier activity for the corresponding amino acid. Furthermore, 10 such strains are preferred which contain an increased number of such central metabolism metabolites as anticipated in the synthesis of the corresponding amino acid and/or strains which contain a reduced proportion of the central metabolism metabolites which do not participate in the synthesis of the corresponding amino acid, 15 especially metabolites which tolerate competitive reactions; i.e. such strains are preferred with which by synthesis paths competitive with the corresponding amino acid biosynthesis path runs with reduced activity. Thus, especially a Coryne-former microorganism strain with reduced citrate synthase activity is 20 suitable as a strain resistant to L-asparaginic-acid- β -methyl ester (AME) is suitable (EP 0 551 614).

After isolation, the pyruvate-carboxylase gene is obtained with nucleotide sequences which code for the amino acid sequence given under SEQ ID No. 2 or their allele variations or the 25 nucleotide sequence of nucleotides 165 to 3587 according to SEQ ID

No. 1 or a substantially identically-effective DNA sequence. The gene further contains a protein promoter of the nucleotide sequence of nucleotides 20 to 109 according to SEQ ID No. 1, a substantially identically effective DNA sequence. Allele variations or identically effective DNA sequences encompass especially functional derivations which are corresponding nucleotide sequences formed by deletions, insertions and/or substitutions of nucleotides whereby the enzyme activity or function remains or can even be increased. This pyruvate-carboxylase gene is preferably used in the process of the invention.

The pyruvate-carboxylase gene with or without the preceding promoter or with or without the associated regulator gene can be preceded by and/or followed by one or more DNA sequences so that the gene is contained in a gene structure.

The pyruvate-carboxylase gene is preferably preceded by the tac-promoter ($lacI^0$ -Gen) with which is associated especially regulatory sequences.

By cloning the pyruvate-carboxylase gene, plasmids are obtained which contain the gene and are suitable for transformation to an amino acid producer. The cells obtained by transformation which preferably correspond to transformed cells of *Corynebacterium*, contain the gene in replicatable form, i.e. in additional copies on the chromosome, whereby the gene copies are integrated by recombination at optional sites in the genome and/or on a plasmid or vector.

Example**1. Cloning the Pyruvate-Carboxylase Gene of
*Corynebacterium Glutamicum***

Starting from conserved regions of all prior known
5 pyruvate-carboxylase- (pyc-) genes of *Saccharomyces cerevisiae* (J
Biol Chem 1988, 263: 11493-11497; Mol Gen Genet 1991, 229: 307-
315), Mensch (Biochem Biophys Acta 1994, 1227: 46-52), Maus (Proc
Natl Acad Sci, USA 1993, 90: 1766-1770), *Aedes aegypti* (EMBL-
GeneBank: Accession Nr. L36530) and from *Mycobacterium tuberculosis*
10 (EMBL-GeneBank: Accession Nr. U00024), PCR primer is synthesized
(MWG Biotech). The primer corresponds to the bases 810 to 831 and
1015 to 1037 of the pyc gene from *M. tuberculosis*. With this
primer, by means of PCR according to the standard method of Innis
et al (PCR protocols. A Guide to Methods and Applications, 1990,
15 Academic Press) for nongenerated homologous primer, in a fragment
of about 200 bp of chromosomal DNA of *C. glutamicum* ATCC 13032 as
has been described by Eikmanns et al. (Microbiology 1994, 140:
1817-1828) is isolated following amplification. The size of 200 bp
corresponds to the expectation for the pyc gene. The PCR product
20 as described by Sanger et al (Proc Natl Acad Sci USA 1977, 74:
5463-5467) was sequenced. The sequencing was carried out with
fluorescence-marked ddNTPs with an automatic DNA sequencing
apparatus (Applied Biosystems).

Starting from this DNA fragment of *C. glutamicum*, the
25 following homologous oligonucleotides are produced:

pyc 1 5' - CGTCTTCATCGAAATGAAC-3'

pyc 2 5' - ACGGTGGTGATCCGGCACT-3'

The oligonucleotide is used as a PCR primer for isolating the probe for the gene of pyruvate-carboxylase (pyc) from *C. glutamicum*. The primer is introduced into a PCR reaction with 5 chromosomal DNA from *C. glutamicum* and digoxxygenine-marked nucleotides. The reaction is carried out in accordance with the instructions of the "PCR DIG Labeling Kits" of the firm Boehringer Mannheim. With this approach, a digoxxygenine-marked DNA fragment is amplified which corresponds to the expected size of about 200 10 bp. The thus produced pyc probe is then used to identify, utilizing Southern-blot-hybridization, A DNA fragment in the chromosomal DNA of *C. glutamicum* on which the pyc gene is localized. For this purpose each 2 to 5 µg of chromosomal DNA from *C. glutamicum* WT is cleaved with the restriction enzyme HindIII, 15 SphI, SalI, DdrlI, EcoRI and BamHI and the obtained DNA fragments are correspondingly separated by size over 16 hours at 20 volts gel-electrophoretically in an 0.8% agarose gel. The DNA fragments found in the agarose gel are denatured by the Southern blot (J Mol Biol 1975, 98: 503-517) and subjected to the vacuum-supported 20 separation with the VacuGene Blot Apparatus of Pharmacia LKB (Uppsala, Sweden) from the gene matrix transferred onto a nylon membrane (Nytran N13 of Schleicher and Schüll, Dassel, Switzerland), immobilized and the digoxxygenine marker detected by means of NBT/X phosphate conversion with alkali phosphatizes in 25 this manner. Following chromosomal fragments hybridized with the

pyc-DNA-probe can be detected: a 17 kb HindIII-fragment, a 6.5 kb SalI fragment and a 1.35 kb EcoRI fragment.

The 17 kb HindIII fragment was isolated and subcloned. For this purpose a cosmid gene bank of chromosomal DNA from *C. glutamicum* in cosmid pH C79 was used which represented the genome of *C. glutamicum* to 99% (Mol Microbiol 1992, 6: 317-326). The *E. coli* strain DH5 α was transformed with this gene bank by means of the CaCl₂ method of Sambrook et al (Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 1989, Cold Spring Harbor Laboratory Press) and plated out to about 300 colonies per LB-agar plate with 50 μ g/l kanamycin (a total of 5000 colonies). Then the obtained transformed product was transferred on a nytran N13 filter and incubated for 5 minutes for alkali lysis of the cells and denaturing of the DNA on Whatmann paper soaked with 0.5 M NaOH and 1.5 M NaCl. The subsequent neutralization is effected with 1 M Tris/HCl pH 7.5 and 1.5 M NaCl. The subsequent neutralization is effected with 1 M Tris/HCl pH 7.5 and 1.5 M NaCl.

After incubation of the filter in 2 x SSC, the liberated DNA is fixed by UV radiation at 366 nm on the filter. Then the remaining cell fragments are removed by shaking in 3 x SSC, 0.1% SDS at 50°C. The filter in this form is used for the hybridization with a specific pyc probe as described by Southern (J Mol Biol 1975, 98: 503-517).

The 3 transformants were identified from the pyc probe hybridization. From these transformants the cosmid DNA was isolated by means of plasmid proportion in accordance with the

alkali lysis method of Birnboim (Meth Enzymol 1983, 100: 243-255) and then tested by restriction and Southern blot analysis for the presence of the HINDIII fragments. The cosmid pH C79-10 which contains a 40 kb HINDIII transmission completely and was further analyzed. It showed that also after the restriction with the endonucleosis SalI and EcoRI the same hybridized fragments as in the chromosomal DNA, i.e. a 6.5 kb SalI- fragment and a 1.35 kb EcoRI-fragment. The 17 kb HindIII-fragment was isolated by restriction from the cosmid and is ligated in the *E. coli* vector pUC 18, which is also cleaved with HindIII. A restriction analysis of the fragments in the resulting vector pUC pyc was carried out. The physical mapping of the fragments is shown in FIG. 1.

2. Sequencing of the Pyruvate-Carboxylase Gene

In further subcloning steps a 0.85 kb SalI-EcoRI-fragment was isolated from the plasmid pUC pyc by restriction with corresponding restriction enzymes as a 1.35 kb EcoRI-fragment, a 1.6 kb EcoRI-EcoRI-StuI-fragment as well as a 1.6 kb ClaI-fragment, that overlapped with 0.85 kb SalI-EcoRI-fragment. By ligation the fragments were cloned correspondingly in the restricting vector pUC 18 and then sequenced as described above according to Sanger et al. In (Proc Natl Acad Sci USA 1977, 74: 5463-5467) the nucleotide sequences obtained were analyzed. The program package HUSAR (Release 3.0) of the German zone for cancer research (Heidelberg). The sequence analysis of the fragments gave a continuously open reading raster of 3576 bp which coded for a protein sequence of

1140 amino acids. Comparison of the protein sequence with the EMBL gene data bank (Heidelberg) gave similarities to all known pyruvate carboxylases. The highest identity (62%) was to the putative pyruvate-carboxylase from *Mycobacterium tuberculosis* (EMBL-GeneBank: Accession No. U00024). The similarity amounted to 76% when conserved amino acid exchange was followed. A comparison with the pyruvate-carboxylase of other organisms yielded an identity of 46 to 47% identical and 64 to 65% similar amino acids (Gene 1997, 191: 47-50; J Bacteriol 1996, 178: 5960-5970; Proc Natl Acad Sci USA 1993, 90: 1766-1770; Biochem J 1996, 316: 631-637; EMBL-GenBank: Accession No. L36530; J Biol Chem 1988, 263: 11493-11497; Mol Gen Genet 1991, 229: 307-315). From these results it could be concluded that the cloned fraction base was the gene for the pyruvate-carboxylase from *C. glutamicum*. The nucleotide sequence of the gene is given under SEQ ID No. 1 and the corresponding amino acid sequence under SEQ ID No. 2.

3. Overexpression of the Pyruvate-Carboxylase

For the overexpression of the gene for pyruvate-carboxylase from *C. glutamicum*, the gene was cloned from the plasmid pUCpyc as the 6.2 kb SspI-Scal-fragment in the *E. coli* *glutamicum* swing vector PEK0 (Gene 1991, 102: 93-98) which was cleaved with the restriction endonucleosis EcoRI and PstI. By means of Klenow-polymerase treatment the overhanging ends were ligated to smooth ends by filling the EcoRI or linking PstI and the linearized vector was ligated with the 6.2 kb SspI-Scal-fragment.

The resulting construct pEK0pyc was additionally transformed in the *E. coli* strain DH5 α , the plasmid DNA was isolated on the resulting transformand and the correctness of the inserts controlled by restriction. The DNA was then introduced in the strain SP 733 by 5 electroporation (FEMS Microbiol Lett 1989, 65: 299-304).

This strain is a mutant of the restriction negative *C. glutamicum* strain R 127 (Dechema Biotechnology Conference 1990, 4: 323-327, Verlag Chemie) which was obtained by chemical mutagenesis and was characterized in that it cannot be grown on a minimal 10 medium with pyruvate and lactate as single carbon sources (Microbiology 1997, 143: 1095-1103). This phenotype is recognized as a defect in the pyruvate-carboxylase and can be complemented by introducing the pyruvate-carboxylase gene from *C. glutamicum*, i.e. the strain which is carried by the plasmid pEK0pyc and was by 15 contrast to the starting strain able to grow again in the presence of minimal medium with lactate as a single carbon source. This was a verification that the gene was coded for a functional pyruvate-carboxylase

Furthermore, the plasmid pEK0pyc was transformed in the 20 *C. glutamicum* wild type ATCC 13032 by electroporation. The resulting strain WT (pEK0pyc) was investigated by comparison to the wild type ATCC 13032 with respect to its pyruvate-carboxylase activity. The strain was cultured in a complex medium (Luria-Bertani, Molecular Cloning, A laboratory manual, 1989, Cold Spring 25 Harbour Laboratory Press) with 0.5% lactate and on minimal medium with 2% lactate or 4% glucose and the pyruvate-carboxylase test was

carried out corresponding to the method as described by Peters-Wendisch et al (Microbiology 1997, 143: 1095-1103). The results of the analysis (Table 1) showed that the pyruvate-carboxylase activity in the pEK0-pyc-carrying strain was about 4 times higher
5 than in the starting strain.

4. Increased Accumulation of Lysine by Overexpression of the Pyruvate-Carboxylase Gene in the Strain *C-glutamicum* DG 52-5.

To investigate the effect of the overexpression of the gene for the pyruvate-carboxylase in the lysine-producing strain DG 52-5 (J Gen Microbiol 1988, 134: 3221-3229), the expression vector pVWEX1 is used to promote an IPTG-inducible expression. IN this vector, the pyc gene was promotorlessly cloned. For that purpose, initially PCR-Primer (Primer 1 = Postion 112 - 133; Primer 2 = Position 373 to 355 in the nucleotide sequence according to SEQ ID No. 1), is synthesized and 261 bp of the promotorless starting region of the pyruvate-carboxylase gene was amplified by means of PCR. The primer was so selected that Primer I enabled a PstI cleavage site and Primer 2 a BamHI cleavage site. After the PCR, the 274 bp PCR product was isolated, ligated to concatemers and then cleaved with the restriction enzymes PstI and BamHI. The restriction product was concentrated by ethanol precipitation and then ligated with the PstI-BamHI cleaved vector pVWEX1. The resulting construct pVWEX1-PCR was tested by restriction. The end region of the pyc gene was isolated by RcaI-Klenow-SalI treatment from the vector pEK0pyc and ligated in the BamHI-Klenow-SalI during
20
25

vector PVWEX1-PCR. The resulting construct pVWEX1pyc was analyzed by restriction mapping. Physical mapping of the plasmid is shown in FIG. 2.

The plasmid was introduced by electroporation in the *C. glutamicum* strain DG 52-5. As a control, the strain DG 52-5 was transformed with the vector pVWEX1 without insert and the L-lysine precipitation of three different transformants were compared. For this purpose (DG 52-5 (pVWEX1pyc) 3,4 and (2xTY; Molecular Cloning, A laboratory manual, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press with 50 µg/I kanamycin) and the respective fermentation medium CGXII (J Bacteriol 1993, 175: 5595-5603) in each case from the preculture was separately inoculated. The medium contained additional kanamycin to maintain the plasmid stable. In each case two parallel tests were run whereby one flask of 200 µg IPTG/ml was added while the second flask contained no IPTG. After cultivation for 48 hours at 30°C on a rotation shaker at 120 RPM, the accumulated lysine quantity in the medium was determined. The determination of the amino acid concentration was effected by means of high-pressure liquid chromatography (J Chromat 1983, 266; 471-482).

The results of the fermentation are shown in Table 2 whereby the values given are mean values each from three experiments with different clones. It shows that the overexpression of the pyruvate-carboxylase gene results in a 50% increased accumulation of lysine in the medium. Thus the use of the covered and described gene for the anaplerotic enzyme pyruvate-

carboxylase enables a process of lysine formation to be significantly improved.

5. Increased Accumulation of Threonine and Homoserine by Overexpression of the Pyruvate-Carboxylase Gene in the Strain
5 *C. glutamicum* DM 368-3

Analogously to the experiment in L-lysine formation, the accumulation of threonine in the culture supernatant by overexpression of the gene for pyruvate-carboxylase was also investigated for this purpose, as has been described under point 4, 10 the threonine production strain *C. glutamicum* DM 368-3 (Degussa AG) was transformed with the plasmid pVWEX1pyc with control by the plasmid pVWEX1 and the threonine separation was investigated with each of three different transformants. For this purpose DM 368-3 (pVWEX1) 2 and 3 and DM 368-3 (pVWEX1pyc) 1, 2 and 3 in complex 15 medium (2xTY with 50 µg/1 kanamycin) were cultured and the fermentation medium CGXII (J Bacteriol 1993, 175: 5595-5603) in each case was separately inoculated from the preculture. The medium contained additional kanamycin to hold the plasmid stable. Two parallel sets of tests were carried out whereby 200 µg IPTG/ml 20 was added to one flask while the second flask contained no IPTG. After culturing for 48 hours at 30°C on a rotation shaker at 120 RPM, the threonine quantities accumulated in the medium were determined. The determination of the amino acid concentration was effected also by means of high-pressure liquid chromatography (J 25 Chromat 1983, 266: 471-482). The results of the fermentation are

shown in Table 3 whereby the values given are mean values from each of three experiments with different clones. It shows that the overexpression of the pyruvate-carboxylase gene gave about a 40% increase in the threonine concentration in the medium. The use of 5 the covered and described gene for anaplerotic enzyme pyruvate-carboxylase in a process for L-threonine formation significantly improves the latter.

Furthermore, the amino acid concentration determination shows surprisingly that the strain with the overexpressed pyruvate-10 carboxylase gene also yields 150% more homoserine in the medium than the strain with the nonoverexpressed gene. Corresponding results are shown in Table 3. They make clear that in the process according to the invention the threonine like the homoserine can be significantly improved.

Patent Claims

1 1. A method of microbial production of amino acids of
2 aspartate and/or glutamate families in which the pyruvate-
3 carboxylase activity is increased by genetic modification of the
4 enzyme and/or the pyruvate-carboxylase gene expression of the
5 corresponding amino-acid-producing micro organism.

1 2. The method of claim 1, characterized in that, by
2 mutation of the endogenous pyruvate-carboxylase gene an enzyme
3 with higher pyruvate-carboxylase activity is produced.

1 3. The method of claim 1 or 2, characterized in that,
2 the gene expression of the pyruvate-carboxylase is increased by
3 increasing the gene copy number.

1 4. The method according to claim 3, characterized in
2 that, to increase the gene copy number the pyruvate-carboxylase
3 gene is incorporated in a gene construct.

1 5. The method according to claim 3, characterized in
2 that, the gene is incorporated in a gene construct which contains
3 regulatory gene sequences associated with the pyruvate-
4 carboxylase gene.

1 6. The method according to claim 4 or 5, characterized
2 in that, the corresponding amino-acid-producing microorganism is
3 transformed with the gene-containing gene construct.

1 7. The method according to claim 6, characterized in
2 that, a microorganism of the species *Corynebacterium* is
3 transformed with the gene containing the gene construct.

1 8. The method according to claim 6 or 7, characterized
2 in that, for the transformation a microorganism is used in which
3 the enzyme participating in the synthesis of the corresponding
4 amino acid is deregulated and/or wherein an enhanced export
5 carrier activity is shown for the corresponding amino acid.

1 9. The method according to claim 6 to 8, characterized
2 in that, for the transformation a microorganism is used which has
3 a higher proportion of the central metabolism metabolites of the
4 corresponding amino acid participating in the synthesis.

1 10. The method according to claim 6 to 9,
2 characterized in that, for the transformation a microorganism is
3 used in which biosynthesis paths competing with the corresponding
4 amino acid biosynthesis paths runs with reduced activity.

1 11. The method according to one of the preceding
2 claims, characterized in that, the pyruvate-carboxylase gene is
3 isolated from a microorganism strain of the variety
4 Corynebacterium.

1 12. The method according to one of the preceding
2 claims, characterized in that, the gene expression is increased
3 by reinforcement of the transcription signal.

1 13. The method according to one of the preceding
2 claims, characterized in that, the pyruvate-carboxylase gene has
3 the tac-promoter ahead of the pyruvate-carboxylase gene.

4 14. The method according to claim 13, characterized in
5 that, the tac-promoter is associated with regulatory sequences.

1 15. The method according to one of the preceding
2 claims, characterized in that, the pyruvate-carboxylase gene is a
3 gene with the amino acid sequence given under SEQ ID No. 2 and
4 its allele variation coding nucleotide sequences.

1 16. The method according to claim 15, characterized in
2 that, with the pyruvate-carboxylase gene a gene with the
3 nucleotide sequence of nucleotide 165 to 3587 according to SEQ ID
4 No. 1 or a substantially identically-effective DNA sequence is
5 used.

1 17. The method according to one of the preceding
2 claims for the production of lysine, threonine, homoserine,
3 glutamate and/or arginine.

1 18. A pyruvate-carboxylase gene coding for the amino
2 acid sequence given under SEQ ID No. 2 and /or a nucleotide
3 sequence coding for its allele variations.

1 19. The pyruvate-carboxylase gene according to claim
2 18 with the nucleotide sequence of nucleotides 165 to 3587
3 according to SEQ ID No. 1 or a substantially identically-
4 effective DNA sequence.

1 20. The pyruvate-carboxylase gene according to claim
2 18 or 19 with a preceding promoter of the nucleotide sequence
3 from nucleotide 20 to 109 according to SEQ ID No. 1 or a
4 substantially-identically-effective DNA sequence.

5 21. The pyruvate-carboxylate gene according to claim
6 18 or 19, with preceding tac-promoter.

7 22. The pyruvate-carboxylase gene according to claim
8 21 with the regulatory sequence associated with the promoter.

1 23. The pyruvate-carboxylase gene according to one of
2 claims 18 to 20 with these regulatory gene sequences associated
3 therewith.

1 24. A gene structure containing a pyruvate-carboxylase
2 gene according to one of claims 18 to 23.

3 25. A vector containing a pyruvate-carboxylase gene
4 according to one of claims 18 to 23 or a gene structure according
5 to claim 24.

1 26. Transformed cells containing in replicatable form
2 a pyruvate-carboxylase gene according to one of claims 18 to 23
3 or a gene structure according to claim 24.

1 27. Transformed cells according to claim 26 containing
2 a vector according to claim 25.

1 28. Transformed cells according to claim 26 or 27,
2 characterized in that, they belong to the variety
3 *Corynebacterium*.

1 29. Transformed cells according to one of claims 26 to
2 28, characterized in that, enzymes which participate in the
3 synthesis of the corresponding amino acid and/or enzyme which
4 participate in the export of the corresponding amino acid are
5 deregulated.

6 30. Transformed cells according to one of claims 26 to
7 29, characterized in that, they contain an increased proportion
8 of the central metabolism metabolites participating in the
9 synthesis of the corresponding amino acid.

1 31. Transformed cells according to one of claims 26 to
2 30, characterized in that, they contain a reduced proportion of
3 the central metabolism metabolites which do not participate in
4 the synthesis of the corresponding amino acid.

1 32. The use of a pyruvate-carboxylase gene for
2 increasing the production of amino acids of the aspartate and/or
3 glutamate families by microorganisms.

1 33. The use according to claim 32, characterized in
2 that, a mutated pyruvate-carboxylase gene which codes for an
3 enzyme with increase pyruvate-carboxylase activity is used.

1 34. The use according to claim 32 or 33, characterized
2 in that, the microorganism producing the corresponding amino acid
3 is transformed with a gene construct that contains a pyruvate-
4 carboxylase gene.

1 35. The use according to claim 34, characterized in
2 that, the gene construct additionally contains regulatory gene
3 sequences.

1 36. The use according to one of claims 32 or 35,
2 characterized in that, a pyruvate-carboxylase gene from
3 *Corynebacterium* is used.

1 37. The use according to one of claims 32 or 36,
2 characterized in that, *Corynebacterium* is used as the amino acid-
3 producing microorganism.

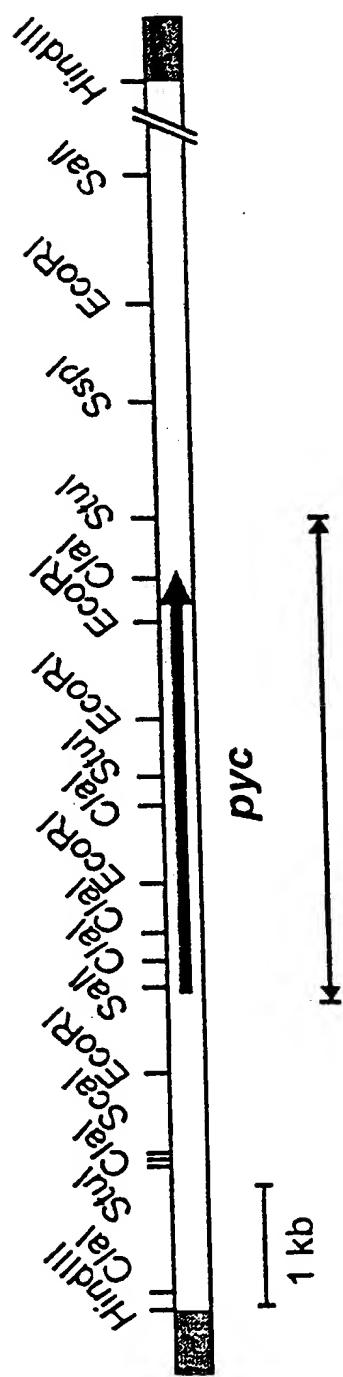


Figure 1

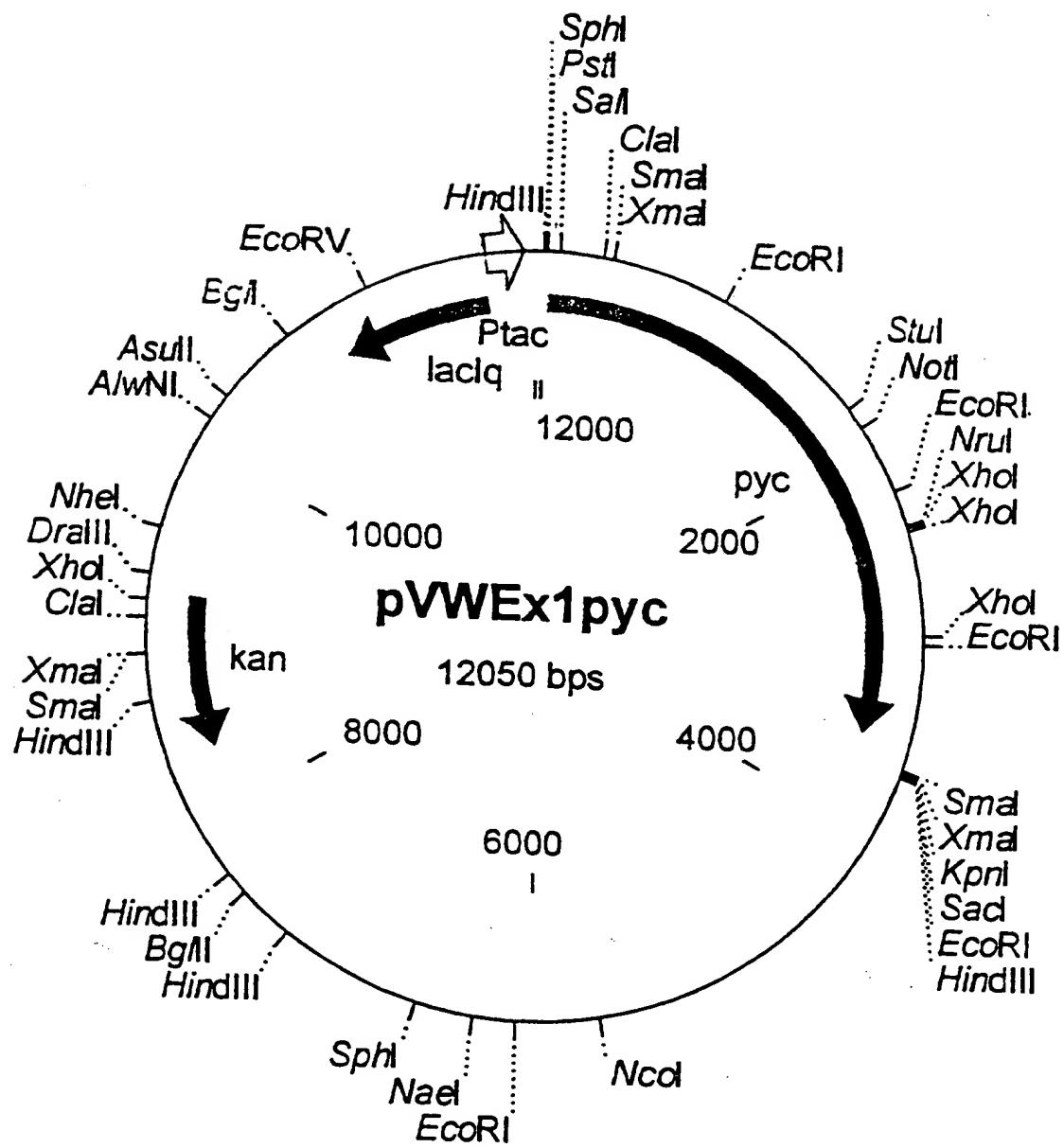


Figure 2

Strain	IPTG [μ g/ml]	Pyruvate Carboxylase	
		[nmol min ⁻¹ mg Dry Weight ⁻¹]	
13032(pEK0pyc)	0	75 \pm 13	
ATCC 13032	0	19 \pm 4	
DG52-5(pVWEX1pyc)	200	88 \pm 13	
	0	11 \pm 2	
DG52-5(pVWEX1)	200	5 \pm 2	
	0	6 \pm 1	
DM368-3(pVWEX1pyc)	200	76 \pm 10	
	0	12 \pm 3	
DM368-3(pVWEX1)	200	10 \pm 1	
	0	11 \pm 2	

Table 1

Strain	IPTG [μ g/ml]	Lysine [mM]
DG52-5(pVWEX1pyc)	200	35.4 ± 2.6
	0	23.6 ± 2.9
DG52-5(pVWEX1)	200	23.3 ± 2.9
	0	22.1 ± 4.0

Table 2

Strain	IPTG [μ g/ml]	Threonine [mM]	Homoserine [mM]
DM368-3(pVWEX1pyc)	200	10,2 \pm 0,5	14,4 \pm 1,2
	0	7,9 \pm 1,0	5,6 \pm 0,2
DM368-3(pVWEX1)	200	8,0 \pm 0,5	5,8 \pm 0,7
	0	7,5 \pm 0,8	6,1 \pm 1,0

Table 3

Strain	IPTG [μ g/ml]	Glutamate [mM]
ATCC 13032	200	11 \pm 2
ATCC 13032	0	13 \pm 2
ATCC 13032(pVWEX1-pyc)	200	67 \pm 4
ATCC 13032(pVWEX1-pyc)	0	32 \pm 4

Table 4

SEQUENCE PROTOCOL

(1) GENERAL DETAILS :

(i) APPLICANTS

- (A) NAME: Forschungszentrum Juelich GmbH
- (B) STREET: Postfach 1913
- (C) LOCALE: Juelich
- (E) COUNTRY: GERMANY
- (F) ZIP CODE : 52425

(ii) DESIGNATION OF THE INVENTION Pyruvate Carboxylase

(iii) NUMBER OF SEQUENCES: 2

(iv) COMPUTER-READABLE FORM :

- (A) DATA CATEGORY: floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

(2) DETAILS TO SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3728 Base PAIRS
- (B) TYPE: Nucleotide
- (C) STRAND SHAPE: Single strand
- (D) TOPOLOGY: linear

(ii) TYPE OF MOLECULES : Genome DNA

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION SEQ ID NO: 1:

CGCAACCGTG CTTGAAGTCG TGCAGGTCA GGGAGTGTG CCCGAAAACA TTGAGAGGAA	60
AACAAAACC GATGTTGAT TGGGGGAATC GGGGGTTACG ATACTAGGAC GCAGTGACTG	120
CTATCACCT TGGCGGTCTC TTGTTGAAAG GAATAATTAC TCTA ^{A?} TGTGTCG ACTCACACAT	180
CTTCAACGCT TCCAGCATTG AAAAAGATCT TGGTAGCAAA CCGCGGCGAA ATCGCGGTCC	240
G TGCTTCCG TGCAGCACTC GAAACCGGTG CAGCCACGGT AGCTATTTAC CCCC GTGAAG	300
ATCGGGGATC ATTCCACCGC TCTTTGCTT CTGAAGCTGT CCGCATTGGT ACCGAAGGCT	360
CACCA GTCAA GGC GTACCTG GACATCGATG AAATTATCGG TGCAGCTAAA AAAGTTAAAG	420
CAGATGCCAT TTACCCGGGA TACGGCTTCC TGTCTGAAA TGCC CAGCTT GCCC GCGAGT	480

GTGCGGAAAA CGGCATTACT TTTATTGGCC CAACCCAGA GGTTCTTGAT CTCACCGGTG	540
ATAAGTCTCG CGCGGTAACC GCCGCGAAGA AGGCTGGTCT GCCAGTTTG GCGGAATCCA	600
CCCCGAGCAA AAACATCGAT GAGATCGTTA AAAGCGCTGA AGGCCAGACT TACCCCATCT	660
TTGTGAAGGC AGTTGCCGGT GGTGGCGGAC GCGGTATGCG TTTTGTGCT TCACCTGATG	720
AGCTTCGCAA ATTAGCAACA GAAGCATCTC GTGAAGCTGA AGCGGCTTTC GGCATGGCG	780
CGGTATATGT CGAACGTGCT GTGATTAACC CTCAGCATAT TGAAGTGCAG ATCCTTGGCG	840
ATCACACTGG AGAAGTTGTA CACCTTATG AACGTGACTG CTCACTGCAG CGTCGTACCC	900
AAAAAGTTGT CGAAATTGCG CCAGCACAGC ATTTGGATCC AGAACTGCGT GATGCATTT	960
GTGCGGATGC AGTAAAGTTC TGCCGCTCCA TTGGTTACCA GGGCGCGGG ACCGTGGAAT	1020
TCTTGGTCGA TGAAAAGGGC AACCAACGTCT TCATCGAAAT GAACCCACGT ATCCAGGTTG	1080
AGCACACCGT GACTGAAGAA GTCACCGAGG TGGACCTGGT GAAGGCGCAG ATGCGCTTGG	1140
CTGCTGGTGC AACCTTGAAG GAATTGGGTC TGACCCAAGA TAAGATCAAG ACCCACGGTG	1200
CAGCACTGCA GTGCCGCATC ACCACGGAAG ATCCAAACAA CGGCTTCCGC CCAGATAACCG	1260
GAACATCAC CGCGTACCGC TCACCAAGGCG GAGCTGGGT TCGTCTTGAC GGTGCAGCTC	1320
AGCTCGGTGG CGAAATCACC GCACACTTG ACTCCATGCT GGTGAAAATG ACCTGCCGTG	1380
GTTCCGACTT TGAAACTGCT GTTGCTCGTG CACAGCGCGC GTTGGCTGAG TTCACCGTGT	1440
CTGGTGTGCA AACCAACATT GGTTCTTGC GTGCCTGCT GCGGGAAAGAG GACTTCACCTT	1500
CCAAGCGCAT CGCCACCGGA TTCATTGCCG ATCACCCGCA CCTCCTTCAG GCTCCACCTG	1560
CTGATGATGA GCAGGGACGC ATCCTGGATT ACTTGGCAGA TGTCACCGTG AACAAAGCCTC	1620
ATGGTGTGCG TCCAAAGGAT GTTGCAGCTC CTATCGATAA GCTGCCTAAC ATCAAGGATC	1680
TGCCACTGCC ACGCGGTTCC CGTGACCGCC TGAAGCAGCT TGGCCCGGCC GCGTTGCTC	1740
GTGATCTCCG TGAGCAGGAC GCACTGGCAG TTACTGATAC CACCTTCCGC GATGCACACC	1800
AGTCTTGCT TGCGACCCGA GTCCGCTCAT TCGCACTGAA GCCTGCGGCA GAGGCCGTG	1860
CAAAGCTGAC TCCTGAGCTT TTGTCCGTGG AGGCCTGGGG CGGGCGGACC TACGATGTGG	1920
CGATGCGTTT CCTCTTGAG GATCCGTGGG ACAGGCTCGA CGAGCTGCGC GAGGCCGATGC	1980
CGAATGTAAA CATTCAAGATG CTGCTTCGCG GCCGCAACAC CGTGGGATAC ACCCCGTACC	2040
CAGACTCCGT CTGCCGCGCG TTTGTTAAGG AAGCTGCCAG CTCCGGCGTG GACATTTCC	2100

GCATCTCGA CGCGCTTAAC GACGTCTCCC AGATGCGTCC AGCAATCGAC GCAGTCCTGG 2160
AGACCAACAC CGCGGTAGCC GAGGTGGCTA TGGCTTATTC TGGTGTCTC TCTGATCCAA 2220
ATGAAAAGCT CTACACCCCTG GATTACTACC TAAAGATGGC AGAGGAGATC GTCAAGTCTG 2280
GCGCTCACAT CTTGGCCATT AAGGATATGG CTGGTCTGCT TCGCCCAGCT GCGGTAACCA 2340
AGCTGGTCAC CGCACTGCGC CGTGAATTG ATCTGCCAGT GCACGTGCAC ACCCACGACA 2400
CTGCGGGTGG CCAGCTGGCA ACCTACTTG CTGCAGCTCA AGCTGGTGCA GATGCTGTTG 2460
ACGGTGCTTC CGCACCACTG TCTGGCACCA CCTCCCAGCC ATCCCTGTCT GCCATTGTTG 2520
CTGCATTGCG GCACACCCGT CGCGATAACCG GTTGAGCCT CGAGGCTGTT TCTGACCTCG 2580
AGCCGTACTG GGAAGCAGTG CGCGGACTGT ACCTGCCATT TGAGTCTGGA ACCCCAGGCC 2640
CAACCGGTGCG CGTCTACCGC CACGAAATCC CAGGCGGACA GTTGTCCAAC CTGCGTGCAC 2700
AGGCCACCGC ACTGGGCCTT GCGGATCGTT TCGAACTCAT CGAAGACAAC TACGCAGCCG 2760
TTAATGAGAT GCTGGGACGC CCAACCAAGG TCACCCCATC CTCCAAGGTT GTTGGCGACC 2820
TCGCACTCCA CCTCGTTGGT GCGGGTGTGG ATCCAGCAGA CTTTGCTGCC GATCCACAAA 2880
AGTACGACAT CCCAGACTCT GTCATCGCGT TCCTGCGCGG CGAGCTTGGT AACCCCTCCAG 2940
GTGGCTGGCC AGAGCCACTG CGCACCCGCG CACTGGAAGG CCGCTCCGAA GGCAAGGCAC 3000
CTCTGACGGA AGTTCTGAG GAAGAGCAGG CGCACCTCGA CGCTGATGAT TCCAAGGAAC 3060
GTCGCAATAG CCTCAACCGC CTGCTGTTCC CGAAGCCAAC CGAAGAGTTC CTCGAGCACC 3120
GTCGCCGCTT CGGCAACACC TCTGCGCTGG ATGATCGTGA ATTCTTCTAC GGCCTGGTCG 3180
AAGGCCGCGA GACTTGATC CGCCTGCCAG ATGTGCGCAC CCCACTGCTT GTTCGCCCTGG 3240
ATGCGATCTC TGAGCCAGAC GATAAGGGTA TGCGCAATGT TGTGGCCAAC GTCAACGGCC 3300
AGATCCGCCA AATGCGTGTG CGTGACCGCT CCGTTGAGTC TGTACCGCA ACCGCAGAAA 3360
AGGCAGATTG CTCCAACAAG GGCCATGTTG CTGCACCATT CGCTGGTGTG TGTACCGCA 3420
CTGTTGCTGA AGGTGATGAG GTCAAGGCTG GAGATGCAGT CGCAATCATC GAGGCTATGA 3480
AGATGGAAGC ACAAATCACT GCTTCTGTTG ACGGCAAAAT CGATCGCGTT GTGGTTCTG 3540
CTGCAACGAA GGTGGAAGGT GGCGACTTGA TCGTCGTCGT TTCCTAAACC TTTCTGTAAA 3600
AAGCCCCGCG TCTTCCTCAT GGAGGAGGCG GGGCTTTTG GGCCAAAGATG GGAGATGGGT 3660
GAGTTGGATT TGGTCTGATT CGACACTTTT AAGGGCAGAG ATTTGAAGAT GGAGACCAAG 3720

GCTCAAAG

3728

(2) DETAILS TOSEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1140 Aminosäuren

(B) TYPE: Aminosäure

(C) STRAND SHAPE:single strand

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) TYPE OF MOLECULE: Protein

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:

Met Ser Thr His Thr Ser Ser Thr Leu Pro Ala Phe Lys Lys Ile Leu
1 5 10 15

Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile Ala Val Arg Ala Phe Arg Ala Ala Leu
20 25 30

Glu Thr Gly Ala Ala Thr Val Ala Ile Tyr Pro Arg Glu Asp Arg Gly
35 40 45

Ser Phe His Arg Ser Phe Ala Ser Glu Ala Val Arg Ile Gly Thr Glu
50 55 60

Gly Ser Pro Val Lys Ala Tyr Leu Asp Ile Asp Glu Ile Ile Gly Ala
65 70 75 80

Ala Lys Lys Val Lys Ala Asp Ala Ile Tyr Pro Gly Tyr Gly Phe Leu
85 90 95

Ser Glu Asn Ala Gln Leu Ala Arg Glu Cys Ala Glu Asn Gly Ile Thr
100 105 110

Phe Ile Gly Pro Thr Pro Glu Val Leu Asp Leu Thr Gly Asp Lys Ser
115 120 125

Arg Ala Val Thr Ala Ala Lys Lys Ala Gly Leu Pro Val Leu Ala Glu
130 135 140

Ser Thr Pro Ser Lys Asn Ile Asp Glu Ile Val Lys Ser Ala Glu Gly
145 150 155 160

Gln Thr Tyr Pro Ile Phe Val Lys Ala Val Ala Gly Gly Gly Arg
165 170 175

Gly Met Arg Phe Val Ala Ser Pro Asp Glu Leu Arg Lys Leu Ala Thr
180 185 190

Glu Ala Ser Arg Glu Ala Glu Ala Phe Gly Asp Gly Ala Val Tyr

195 200 205

Val Glu Arg Ala Val Ile Asn Pro Gln His Ile Glu Val Gln Ile Leu
210 215 220

Gly Asp His Thr Gly Glu Val Val His Leu Tyr Glu Arg Asp Cys Ser
225 230 235 240

Leu Gln Arg Arg His Gln Lys Val Val Glu Ile Ala Pro Ala Gln His
245 250 255

Leu Asp Pro Glu Leu Arg Asp Arg Ile Cys Ala Asp Ala Val Lys Phe
260 265 270

Cys Arg Ser Ile Gly Tyr Gln Gly Ala Gly Thr Val Glu Phe Leu Val
275 280 285

Asp Glu Lys Gly Asn His Val Phe Ile Glu Met Asn Pro Arg Ile Gln
290 295 300

Val Glu His Thr Val Thr Glu Glu Val Thr Glu Val Asp Leu Val Lys
305 310 315 320

Ala Gln Met Arg Leu Ala Ala Gly Ala Thr Leu Lys Glu Leu Gly Leu
325 330 335

Thr Gln Asp Lys Ile Lys Thr His Gly Ala Ala Leu Gln Cys Arg Ile
340 345 350

Thr Thr Glu Asp Pro Asn Asn Gly Phe Arg Pro Asp Thr Gly Thr Ile
355 360 365

Thr Ala Tyr Arg Ser Pro Gly Gly Ala Gly Val Arg Leu Asp Gly Ala
370 375 380

Ala Gln Leu Gly Gly Glu Ile Thr Ala His Phe Asp Ser Met Leu Val
385 390 395 400

Lys Met Thr Cys Arg Gly Ser Asp Phe Glu Thr Ala Val Ala Arg Ala
405 410 415

Gln Arg Ala Leu Ala Glu Phe Thr Val Ser Gly Val Ala Thr Asn Ile
420 425 430

Gly Phe Leu Arg Ala Leu Leu Arg Glu Glu Asp Phe Thr Ser Lys Arg
435 440 445

Ile Ala Thr Gly Phe Ile Ala Asp His Pro His Leu Leu Gln Ala Pro
450 455 460

Pro Ala Asp Asp Glu Gln Gly Arg Ile Leu Asp Tyr Leu Ala Asp Val
465 470 475 480

Thr Val Asn Lys Pro His Gly Val Arg Pro Lys Asp Val Ala Ala Pro

485 490 495
Ile Asp Lys Leu Pro Asn Ile Lys Asp Leu Pro Leu Pro Arg Gly Ser
500 505 510
Arg Asp Arg Leu Lys Gln Leu Gly Pro Ala Ala Phe Ala Arg Asp Leu
515 520 525
Arg Glu Gln Asp Ala Leu Ala Val Thr Asp Thr Thr Phe Arg Asp Ala
530 535 540
His Gln Ser Leu Leu Ala Thr Arg Val Arg Ser Phe Ala Leu Lys Pro
545 550 555 560
Ala Ala Glu Ala Val Ala Lys Lys Thr Pro Glu Leu Leu Ser Val Glu
565 570 575
Ala Trp Gly Gly Ala Thr Tyr Asp Val Ala Met Arg Phe Leu Phe Glu
580 585 590
Asp Pro Trp Asp Arg Leu Asp Glu Leu Arg Glu Ala Met Pro Asn Val
595 600 605
Asn Ile Gln Met Leu Leu Arg Gly Arg Asn Thr Val Gly Tyr Thr Pro
610 615 620
Tyr Pro Asp Ser Val Cys Arg Ala Phe Val Lys Glu Ala Ala Ser Ser
625 630 635 640
Gly Val Asp Ile Phe Arg Ile Phe Asp Ala Leu Asn Asp Val Ser Gln
645 650 655
Met Arg Pro Ala Ile Asp Ala Val Leu Glu Thr Asn Thr Ala Val Ala
660 665 670
Glu Val Ala Met Ala Tyr Ser Gly Asp Leu Ser Asp Pro Asn Glu Lys
675 680 685
Leu Tyr Thr Leu Asp Tyr Tyr Leu Lys Met Ala Glu Glu Ile Val Lys
690 695 700
Ser Gly Ala His Ile Leu Ala Ile Lys Asp Met Ala Gly Leu Leu Arg
705 710 715 720
Pro Ala Ala Val Thr Lys Leu Val Thr Ala Leu Arg Arg Glu Phe Asp
725 730 735
Leu Pro Val His Val His Thr His Asp Thr Ala Gly Gly Gln Leu Ala
740 745 750
Thr Tyr Phe Ala Ala Ala Gln Ala Gly Ala Asp Ala Val Asp Gly Ala
755 760 765
Ser Ala Pro Leu Ser Gly Thr Thr Ser Gln Pr Ser Leu Ser Ala Ile

770

775

780

Val Ala Ala Phe Ala His Thr Arg Arg Asp Thr Gly Leu Ser Leu Glu
 785 790 795 800

Ala Val Ser Asp Leu Glu Pro Tyr Trp Glu Ala Val Arg Gly Leu Tyr
 805 810 815

Leu Pro Phe Glu Ser Gly Thr Pro Gly Pro Thr Gly Arg Val Tyr Arg
 820 825 830

His Glu Ile Pro Gly Gly Gln Leu Ser Asn Leu Arg Ala Gln Ala Thr
 835 840 845

Ala Leu Gly Leu Ala Asp Arg Phe Glu Leu Ile Glu Asp Asn Tyr Ala
 850 855 860

Ala Val Asn Glu Met Leu Gly Arg Pro Thr Lys Val Thr Pro Ser Ser
 865 870 875 880

Lys Val Val Gly Asp Leu Ala Leu His Leu Val Gly Ala Gly Val Asp
 885 890 895

Pro Ala Asp Phe Ala Ala Asp Pro Gln Lys Tyr Asp Ile Pro Asp Ser
 900 905 910

Val Ile Ala Phe Leu Arg Gly Glu Leu Gly Asn Pro Pro Gly Gly Trp
 915 920 925

Pro Glu Pro Leu Arg Thr Arg Ala Leu Glu Gly Arg Ser Glu Gly Lys
 930 935 940

Ala Pro Leu Thr Glu Val Pro Glu Glu Glu Gln Ala His Leu Asp Ala
 945 950 955 960

Asp Asp Ser Lys Glu Arg Arg Asn Ser Leu Asn Arg Leu Leu Phe Pro
 965 970 975

Lys Pro Thr Glu Glu Phe Leu Glu His Arg Arg Arg Phe Gly Asn Thr
 980 985 990

Ser Ala Leu Asp Asp Arg Glu Phe Phe Tyr Gly Leu Val Glu Gly Arg
 995 1000 1005

Glu Thr Leu Ile Arg Leu Pro Asp Val Arg Thr Pro Leu Leu Val Arg
 1010 1015 1020

Leu Asp Ala Ile Ser Glu Pro Asp Asp Lys Gly Met Arg Asn Val Val
 1025 1030 1035 1040

Ala Asn Val Asn Gly Gln Ile Arg Pr Met Arg Val Arg Asp Arg Ser
 1045 1050 1055

Val Glu Ser Val Thr Ala Thr Ala Glu Lys Ala Asp Ser Ser Asn Lys

1060 1065 1070
Gly His Val Ala Ala Pro Phe Ala Gly Val Val Thr Val Thr Val Ala
1075 1080 1085
Glu Gly Asp Glu Val Lys Ala Gly Asp Ala Val Ala Ile Ile Glu Ala
1090 1095 1100
Met Lys Met Glu Ala Thr Ile Thr Ala Ser Val Asp Gly Lys Ile Asp
1105 1110 1115 1120
Arg Val Val Val Pro Ala Ala Thr Lys Val Glu Gly Gly Asp Leu Ile
1125 1130 1135
Val Val Val Ser
1140

Forschungszentrum Jülich GmbH

METHOD FOR MICROBIAL PRODUCTION OF AMINO ACIDS OF THE ASPARTATE
AND/OR GLUTAMATE FAMILY AND AGENTS WHICH CAN BE USED
IN SAID METHOD

Abstract

The present invention relates to a method for microbial production of amino acids of the aspartate and/or glutamate family, wherein the pyruvate-carboxylase activity is increased by genetic modification of the enzyme and/or the pyruvate-carboxylate gene expression of a microorganism producing the corresponding amino acid. Furthermore the present invention relates to a pyruvate-carboxylase gene, as well as further agents which can be used by the method of the invention.

21437

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen:

198 31 609.7

Anmeldetag:

14. Juli 1998

Anmelder/Inhaber:

Forschungszentrum Jülich GmbH, Jülich/DE

Bezeichnung:

Verfahren zur mikrobiellen Herstellung von Aminosäuren der Aspartat- und/oder Glutamatfamilie und im Verfahren einsetzbare Mittel

Priorität:

4.10.1997 DE 197 43 894.6

IPC:

C 12 N, C 07 H, C 12 P

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 1. August 2001
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

Jerofsky

B e s c h r e i b u n g

5

Verfahren zur mikrobiellen Herstellung von Aminosäuren der Aspartat- und/oder
Glutamatfamilie und im Verfahren einsetzbare Mittel

10

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur mikrobiellen Herstellung von Aminosäuren
der Aspartat- und/oder Glutamatfamilie gemäß den Ansprüchen 1 bis 17, Pyruvat-
Carboxylase-Gene nach Anspruch 18 bis 23, Genstrukturen nach Anspruch 24,
Vektoren nach Anspruch 25, transformierte Zellen nach Anspruch 26 bis 31 sowie
15 Verwendungen nach Anspruch 32 bis 37.

20

Aminosäuren sind von großem wirtschaftlichen Interesse, wobei die Verwendung von
Aminosäuren vielfältig ist: So wird z.B. L-Lysin wie auch L-Threonin, L-Methionin
und L-Tryptophan als Futtermittelzusatz benötigt, L-Glutamat als Gewürzzusatz, L-
Isoleucin und L-Tyrosin in der pharmazeutischen Industrie, L-Arginin und L-Isoleucin
als Medikament oder L-Glutamat, L-Aspartat und L-Phenylalanin als
Ausgangssubstanz zur Synthese von Feinchemikalien.

25

Eine bevorzugte Methode zur Herstellung dieser verschiedensten Aminosäuren ist die
biotechnologische Herstellung mittels Mikroorganismen; denn auf diese Weise wird
direkt die biologisch wirksame und optisch aktive Form der jeweiligen Aminosäure
erhalten, und es können einfache und preisgünstige Rohstoffe eingesetzt werden. Als
Mikroorganismen werden z.B. *Corynebacterium glutamicum* und seine Verwandten
ssp. *flavum* und ssp. *lactofermentum* (Liebl et al., Int J System Bacteriol 1991, 41:
30 255 bis 260) wie auch *Escherichia coli* und verwandte Bakterien eingesetzt.

Diese Bakterien produzieren die Aminosäuren normalerweise aber nur in der zum Wachstum benötigten Menge, so daß also keine überschüssigen Aminosäuren gebildet 5 und ausgeschieden werden. Dies ist darin begründet, daß in der Zelle die Biosynthese der Aminosäuren in vielfacher Weise kontrolliert wird. Folglich sind bereits verschiedene Verfahren bekannt, um die Produktbildung durch Ausschalten der Kontrollmechanismen zu steigern. Bei diesen Prozessen werden z.B. Aminosäureanaloga eingesetzt, um die effektive Regulation der Biosynthese 10 auszuschalten. So ist beispielsweise ein Verfahren beschrieben, bei dem Corynebacterium-Stämme benutzt werden, die gegen L-Tyrosin- und L-Phenylalaninanaloga resistent sind (JP 19037/1976 und 39517/1978). Ebenso sind Verfahren beschrieben, bei denen gegenüber L-Lysin- oder auch L-Theoninanaloga 15 resistente Bakterien eingesetzt werden, um die Kontrollmechanismen zu überwinden (EP 0 205 849, GB 2 152 509).

Weiterhin sind auch durch rekombinante DNA-Techniken konstruierte 20 Mikroorganismen bekannt, bei denen ebenfalls die Regulation der Biosynthese aufgehoben ist, indem die Gene, die für die nicht mehr feedback-inhibierbaren Schlüsselenzyme kodieren, kloniert und exprimiert werden. So ist z.B. ein rekombinantes, L-Lysin produzierendes Bakterium mit plasmid-kodierter, feedback- 25 resistenter Aspartatkinase bekannt (EP 0 381 527). Ebenso ist ein rekombinantes, L-Phenylalanin produzierendes Bakterium mit feedback-resistenter Prephenatdehydrogenase beschrieben (JP 123475/1986, EP 0 488 424).

25 Darüber hinaus wurden auch durch Überexpression von Genen, die nicht für feedback-sensitive Enzyme der Aminosäuresynthese kodieren, erhöhte Aminosäureausbeuten erreicht. So wird z.B. die Lysinbildung durch erhöhte Synthese

der Dihydrodipicolinatsynthase verbessert (EP 0 197 335). Ebenso wird durch erhöhte Synthese der Threonindehydrolase eine verbesserte Isoleucinbildung erreicht (EP 0 5 436 886).

Weitere Versuche zur Erhöhung der Aminosäureproduktion zielen auf eine verbesserte Bereitstellung der zellulären Primärmetabolite des Zentralstoffwechsels. So ist bekannt, daß die durch rekombinante Techniken erreichte Überexpression der 10 Transketolase eine verbesserte Produktbildung von L-Tryptophan, L-Tyrosin oder L-Phenylalanin ermöglicht (EP 0 600 463). Weiterhin führt die Reduktion der Phosphoenolpyruvat-Carboxylase-Aktivität in *Corynebacterium* zu verbesserter Bildung aromatischer Aminosäuren (EP 0 3331 145), wohingegen die Erhöhung der Phosphoenolpyruvat-Carboxylase-Aktivität in *Corynebacterium* zu erhöhter 15 Ausscheidung von Aminosäuren der Aspartatfamilie führt (EP 0 358 940).

Während des Wachstums und speziell unter Aminosäureproduktionsbedingungen muß der Tricarbonsäure-Cyclus kontinuierlich und effektiv mit C4-Verbindungen, z.B. 20 Oxalacetat, aufgefüllt werden, um die für die Aminosäurebiosynthese abgezogenen Zwischenprodukte zu ersetzen. Bis vor kurzem hat man angenommen, daß für diese sogenannten anaplerotischen Funktionen in *Corynebacterium* die Phosphoenolpyruvat-Carboxylase verantwortlich ist (Kinoshita, Biology of industrial 25 micro-organisms 1985: 115 bis 142, Benjamin/Cummings Publishing Company, London; Liebl, The prokaryotes II, 1991: 1157 bis 1171, Springer Verlag N.Y.; Vallino und Stephanopoulos, Biotechnol Bioeng 1993, 41: 633 bis 646). Es wurde jedoch gefunden, daß Phosphoenolpyruvat-Carboxylase-negative Mutanten im Vergleich zu den jeweiligen Ausgangsstämmen auf allen getesteten Medien gleich 274 wuchsen (Peters-Wendisch et al., FEMS Microbiology Letters 1993, 112: 269 bis 274; Gubler et al., Appl Microbiol Biotechnol 1994, 40: 857 bis 863). Dieses

Ergebnis zeigte, daß die Phosphoenolpyruvat-Carboxylase nicht essentiell für das Wachstum ist und für die anaplerotischen Reaktionen keine oder nur eine untergeordnete Rolle spielt. Desweiteren wies das oben genannte Ergebnis darauf hin, daß es in *Corynebacterium* mindestens ein anderes Enzym geben muß, das für die Synthese von Oxalacetat, das für das Wachstum benötigt wird, verantwortlich ist. Kürzlich wurde auch tatsächlich eine Pyruvat-Carboxylase-Aktivität in permeabilisierten Zellen von *Corynebacterium glutamicum* gefunden (Peters-Wendisch et al., *Microbiology* 1997, 143: 1095 bis 1103). Dieses Enzym wird effektiv durch AMP, ADP und Acetyl-Coenzym A inhibiert und in Gegenwart von Laktat als Kohlenstoffquelle in erhöhter Menge gebildet. Da davon ausgegangen werden mußte, daß dieses Enzym in erster Linie für die Auffüllung des Tricarbonsäure-Cycluses beim Wachstum verantwortlich ist, war zu erwarten, daß eine Erhöhung der Genexpression bzw. der Enzymaktivität entweder zu keiner oder allenfalls zu einer geringfügigen Erhöhung der zur Aspartatfamilie gehörenden Aminosäuren führt. Desweiteren wurde erwartet, daß eine Erhöhung der Genexpression bzw. der Enzymaktivität der Pyruvat-Carboxylase ebenso keinen Einfluß auf die Produktion von Aminosäuren anderer Familien haben würde.

Es wurde nunmehr überraschenderweise gefunden, daß nach Erhöhung der Pyruvat-Carboxylase-Aktivität durch genetische Veränderung des Enzyms und / oder nach Erhöhung der Pyruvat-Carboxylase-Genexpression die mikrobielle Herstellung von Aminosäuren der Aspartat- und/oder der Glutamatfamilie erhöht wird. Es zeigte sich, daß insbesondere Stämme mit erhöhter Kopienzahl des Pyruvat-Carboxylase-Gens etwa 50% mehr Lysin, 40% mehr Threonin und 150% mehr Homoserin ins Kulturmedium ausscheiden.

Die genetische Veränderung der Pyruvat-Carboxylase zur Erhöhung der Enzymaktivität erfolgt vorzugsweise durch Mutation des endogenen Gens. Derartige

Mutationen können entweder nach klassischen Methoden ungerichtet erzeugt werden, wie beispielsweise durch UV-Bestrahlung oder durch mutationsauslösenden 5 Chemikalien, oder gezielt mittels gentechnologischer Methoden wie Deletion(en), Insertion(en) und/oder Nukleotidaustausch(e).

Die Pyruvat-Carboxylase-Genexpression wird durch Erhöhen der Genkopienzahl und/oder durch Verstärkung regulatorischer Faktoren, die die Expression des Gens 10 positiv beeinflussen, erhöht. So kann eine Verstärkung regulatorischer Elemente vorzugsweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem insbesondere die Transkriptionssignale erhöht werden. Dies kann beispielsweise dadurch erfolgen, daß durch Veränderung der dem Strukturgen vorgeschalteten Promotorsequenz der Promotor in seiner Wirksamkeit erhöht wird oder indem der Promotor komplett durch 15 wirksamere Promotoren ausgetauscht wird. Auch kann eine Verstärkung der Transkription durch entsprechende Beeinflussung eines dem Pyruvat-Carboxylase-Gens zugeordneten Regulatorgens erfolgen. Des Weiteren kann ggf durch Mutation einer regulatorischen Gensequenz die Effektivität der Bindung eines Regulatorproteins an die DNA des zu regulierenden Pyruvat-Carboxylase-Gens so 20 beeinflußt sein, daß dadurch die Transkription verstärkt und somit die Genexpression erhöht ist. Des Weiteren können dem Pyruvat-Carboxylase-Gen als regulatorische Sequenzen aber auch sog. „enhancer“ zugeordnet sein, die über eine verbesserte Wechselwirkung zwischen RNA-Polymerase und DNA ebenfalls eine erhöhte Pyruvat-Carboxylase-Genexpression bewirken. Daneben ist aber auch eine 25 Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der m-RNA verbessert wird.

Zur Erhöhung der Genkopienzahl wird das Pyruvat-Carboxylase-Gen in ein Genkonstrukt bzw. Vektor eingebaut. Das Genkonstrukt enthält insbesondere dem

Pyruvat-Carboxylase-Gen zugeordnete regulatorische Sequenzen, vorzugsweise solche, die die Genexpression verstärken. Für den Einbau des Pyruvat-Carboxylase-
5 Gens in ein Genkonstrukt wird das Gen vorzugsweise aus einem Mikroorganismen-
Stamm der Gattung *Corynebacterium* isoliert und in einen Aminosäure-
produzierenden Mikroorganismen-Stamm, insbesondere *Corynebacterium* oder in
Escherichia coli oder *Serratia marcescens*, transformiert. Für das erfindungsgemäße
Verfahren eignen sich insbesondere Gene aus *C. glutamicum* oder *C. glutamicum* ssp.
10 *flavum* oder *C. glutamicum* ssp. *lactofermentum*. Nach Isolierung des Gens und der in
vitro-Rekombination mit bekannten Vektoren (vgl. z.B. Simon et al., Bio/Technology
1983, 1: 784 bis 791; Eikmanns et al., Gene 1991, 102: 93 bis 98) erfolgt die
Transformation in die Aminosäure-produzierenden Stämme durch Elektroporation
(Liebl et al., FEMS Microbiology Letters 1991, 65: 299 bis 304) oder Konjugation
15 (Schäfer et al., J Bacteriol 1990, 172: 1663 bis 1666). Als Wirtsstämme werden
vorzugsweise solche Aminosäureproduzenten eingesetzt, die in der Synthese der
entsprechenden Aminosäure dereguliert sind und/oder die eine erhöhte Exportcarrier-
Aktivität für die entsprechende Aminosäure aufweisen. Weiterhin werden solche
20 Stämme bevorzugt, die einen erhöhten Anteil an solchen
Zentralstoffwechselmetaboliten enthalten, die an der Synthese der entsprechenden
Aminosäure beteiligt sind und / oder Stämme, die einen erniedrigten Anteil an den
nicht an der Synthese der entsprechenden Aminosäure beteiligten
Zentralstoffwechselmetaboliten enthalten, insbesondere an Metaboliten, die für
Konkurrenzreaktionen zuständig sind; d.h. es werden solche Stämme bevorzugt, bei
25 denen ein zu dem entsprechenden Aminosäurebiosyntheseweg konkurrierender
Biosyntheseweg mit verminderter Aktivität abläuft. So ist insbesondere ein, gegen L-
Asparaginsäure- β -Methylester (AME) resistenter coryneformer Mikroorganismen-
Stamm mit reduzierter Citrat-Synthase-Aktivität geeignet (EP 0 551 614).

Nach Isolierung sind Pyruvat-Carboxylase-Gene mit Nukleotidsequenzen erhältlich, die für die unter SEQ ID No. 2 angegebenen Aminosäuresequenz oder deren 5 Allelvariationen kodieren bzw. die die Nukleotidsequenz von Nukleotid 165 bis 3587 gemäß SEQ ID No. 1 oder einer im wesentlichen gleichwirkenden DNA-Sequenz aufweisen. Des Weiteren sind Gene mit einem vorgeschalteten Promotor der Nukleotidsequenz von Nukleotid 20 bis 109 gemäß SEQ ID No. 1 oder eine im wesentlichen gleichwirkende DNA-Sequenz erhältlich. Allelvariationen bzw. 10 gleichwirkende DNA-Sequenzen umfassen insbesondere funktionelle Derivate, die durch Deletion(en), Insertion(en) und/oder Substitution(en) von Nukleotiden aus entsprechenden Sequenzen erhältlich sind, wobei die Enzymaktivität bzw. -funktion erhalten bleibt oder sogar erhöht ist. Diese Pyruvat-Carboxylase-Gene werden vorzugsweise im erfundungsgemäßen Verfahren eingesetzt.

15 Dem Pyruvat-Carboxylase-Gen mit oder ohne vorgeschaltetem Promotor bzw. mit oder ohne zugeordnetem Regulatorgen können ein oder mehrere DNA-Sequenzen vor- und/oder nachgeschaltet sein, so daß das Gen in einer Genstruktur enthalten ist.

20 Dem Pyruvat-Carboxylase-Gen ist vorzugsweise der tac-Promotor ($lacI^Q$ -Gen) vorgeschaltet, wobei diesem insbesondere regulatorische Sequenzen zugeordnet sind.

Durch Klonierung des Pyruvat-Carboxylase-Gens sind Plasmide erhältlich, die das 25 Gen enthalten und zur Transformation eines Aminosäureproduzenten geeignet sind. Die durch Transformation erhältlichen Zellen, bei denen es sich vorzugsweise um transformierte Zellen von *Corynebacterium* handelt, enthalten das Gen in replizierbarer Form, d.h. in zusätzlichen Kopien auf dem Chromosom, wobei die Genkopien durch Rekombination an beliebigen Stellen des Genoms integriert werden, und/oder auf einem Plasmid oder Vektor.

Ausführungsbeispiel

5 **1. Klonierung des Pyruvat-Carboxylase-Gens aus *Corynebacterium glutamicum***

Ausgehend von konservierten Bereichen aller bisher bekannten Pyruvat-Carboxylase-(pyc-)Genen, von *Saccharomyces cerevisiae* (J Biol Chem 1988, 263: 11493-11497; 10 Mol Gen Genet 1991, 229: 307-315), Mensch (Biochim Biophys Acta 1994, 1227: 46-52), Maus (Proc Natl Acad Sci, USA 1993, 90: 1766-1770), *Aedes aegypti* (EMBL-GenBank: Accession Nr. L36530) sowie von *Mycobacterium tuberculosis* (EMBL-GenBank: Accession Nr. U00024) wurden PCR-Primer synthetisiert (MWG Biotech). Die Primer entsprachen den Basen 810 bis 831 und 1015 bis 1037 des pyc- 15 Gens von *M. tuberculosis*. Mit diesen Primern konnte mittels PCR nach der Standardmethode von Innis et al. (PCR protocols. A guide to methods and applications, 1990, Academic Press) für nicht-degenerierte, homologe Primer ein Fragment von ca. 200 bp aus chromosomaler DNA von *C. glutamicum* ATCC 13032, die wie bei Eikmanns et al. (Microbiology 1994, 140: 1817-1828) beschrieben, isoliert wurde, amplifiziert 20 werden. Die Größe von 200 bp entsprach der Erwartung für pyc-Gene. Das PCR-Produkt wurde wie bei Sanger et al. (Proc Natl Acad Sci USA 1977, 74: 5463-5467) beschrieben, sequenziert. Die Sequenzierung wurde mit fluoreszenzmarkierten ddNTPs mit einer automatischen DNA-Sequenzierapparatur (Applied Biosystems) durchgeführt.

25

Ausgehend von diesem DNA-Fragment aus *C. glutamicum* wurden folgende homologe Oligonukleotide hergestellt:

pyc 1	5'-	CGTCTTCATCGAAATGAAC -3'
pyc 2	5'-	ACGGTGGTGATCCGGCACT -3'

30

Die Oligonukleotide wurden als PCR-Primer zur Isolierung einer Sonde für das Gen der Pyruvat-Carboxylase (pyc) aus *C. glutamicum* verwendet. Die Primer wurden in eine PCR-Reaktion mit chromosomaler DNA von *C. glutamicum* und Digoxigenin-markierten Nukleotiden eingesetzt. Die Reaktion wurde nach der Vorschrift des 'PCR DIG Labeling Kits' der Firma Boehringer Mannheim durchgeführt. Mit diesem Ansatz konnte ein Digoxigenin-markiertes DNA-Fragment amplifiziert werden, das der erwarteten Größe von ca. 200 bp entsprach. Die so hergestellte pyc-Sonde wurde dann eingesetzt, um über Southern-Blot-Hybridisierung ein DNA-Fragment in der chromosomalen DNA von *C. glutamicum* zu identifizieren, auf dem das pyc-Gen lokalisiert ist. Hierzu wurden jeweils 2 bis 5 µg chromosomaler DNA von *C. glutamicum* WT mit den Restriktionsenzymen HindIII, SphI, SalI, DraI, EcoRI und BamHI geschnitten, die erhaltenen DNA-Fragmente 16 h bei 20 V in einem 0,8 %igen Agarosegel gelelektrophoretisch ihrer Größe entsprechend aufgetrennt. Die in dem Agarosegel befindlichen DNA-Fragmente wurden nach einer Methode von Southern (J Mol Biol 1975, 98: 503-517) denaturiert und vakuumunterstützt mit der VacuGene Blot Apparatur von Pharmacia LKB (Uppsala, Schweden) aus der Gelmatrix auf eine Nylon-Membran (Nytran N13 von Schleicher und Schüll, Dassel, Schweiz) transferiert, immobilisiert und die Digoxigeninmarkierung mittels NBT/X-Phosphat-Umsetzung durch alkalische Phosphatase nachgewiesen. Auf diese Weise konnten folgende, mit der pyc-DNA-Sonde hybridisierende chromosomale Fragmente nachgewiesen werden: ein 17 kb HindIII-Fragment, ein 6,5 kb SalI-Fragment und ein 1,35 kb EcoRI-Fragment.

25

Das 17 kb HindIII-Fragment wurde isoliert und subkloniert. Dazu wurde eine Cosmid-Genbank aus chromosomaler DNA von *C. glutamicum* im Cosmid pHC79 verwendet, die das Genom von *C. glutamicum* zu 99% repräsentierte (Mol Microbiol 1992, 6: 317-326). Der *E. coli*-Stamm DH5 α wurde mit dieser Genbank mittels der

30

CaCl₂-Methode von Sambrook et al. (Molecular Cloning, A laboratory manual, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) transformiert und zu ca. 300 Kolonien pro

5 LB-Agarplatte mit 50 µg/l Kanamycin ausplattiert (insgesamt 5000 Kolonien). Anschließend wurden die erhaltenen Transformanden auf Nytran N13-Filter übertragen und diese zur alkalischen Lyse der Zellen und Denaturierung der DNA auf mit 0,5 M NaOH und 1,5 M NaCl getränktem Whatmann-Papier 5 min. inkubiert. Die darauffolgende Neutralisierung erfolgte mit 1 M Tris/HCl pH 7,5 und 1,5 M NaCl.

10 Nach Inkubation der Filter in 2 x SSC wurde die freigesetzte DNA durch UV-Bestrahlung bei 366 nm auf dem Filter fixiert. Anschließend wurden die restlichen Zelltrümmer durch Schütteln in 3 x SSC, 0,1 % SDS bei 50°C entfernt. Die Filter wurden in dieser Form für die Hybridisierung mit einer spezifischen pyc-Sonde, wie bei Southern (J Mol Biol 1975, 98: 503-517) beschrieben, verwendet. Es wurden 3

15 Transformanden identifiziert, die gegen die pyc-Sonde hybridisierten. Aus diesen Transformanden wurde die Cosmid-DNA mittels Plasmid-Präparation nach der Methode der alkalischen Lyse von Birnboim (Meth Enzymol 1983, 100: 243-255) isoliert und anschließend über Restriktion und Southern-Blot Analyse auf das Vorhandensein des HindIII-Fragments getestet. Das Cosmid pHC79-10, das ein 40 kb

20 Insert enthielt, trug das 17 kb HindIII-Fragment vollständig und wurde weiter analysiert. Es zeigte sich, daß auch nach Restriktion mit den Endonukleasen SalI und EcoRI die gleichen hybridisierenden Fragmente wie in der chromosomal DNA, d.h. ein 6,5 kb SalI- und ein 1,35 kb EcoRI-Fragment, erhalten wurden. Das 17 kb HindIII-Fragment wurde durch Restriktion mit HindIII aus dem Cosmid isoliert und in den E.

25 coli-Vektor pUC18, der ebenfalls mit HindIII geschnitten wurde, ligiert. Es wurde eine Restriktionsanalyse des Fragments in dem resultierenden Vektor pUCpyc erstellt. Die physikalische Kartierung des Fragments ist in Figur 1 dargestellt.

2. Sequenzierung des Pyruvat-Carboxylase-Gens

5 In weiteren Subklonierungsschritten wurden ein 0,85 kb SalI-EcoRI-Fragment, das
1,35 kb EcoRI-Fragment, ein 1,6 kb EcoRI-EcoRI-StuI-Fragment sowie ein 1,6 kb
ClaI-Fragment, das partiell mit dem 0,85 kb SalI-EcoRI-Fragment überlappte, durch
Restriktion mit den entsprechenden Restriktionsenzymen aus dem Plasmid pUCpyc
isoliert. Durch Ligation wurden die Fragmente in den jeweils entsprechend
10 restringierten Vektor pUC18 kloniert und anschließend nach Sanger et al. (Proc Natl
Acad Sci USA 1977, 74: 5463-5467) wie oben beschrieben sequenziert. Die
erhaltenen Nukleotidsequenzen wurden mit dem Programmpaket HUSAR (Release
3.0) des Deutschen Krebsforschungszentrums (Heidelberg) analysiert. Die
Sequenzanalyse der Fragmente ergab ein durchgehendes offenes Leseraster von 3576
15 bp, das für eine Proteinsequenz von 1140 Aminosäuren kodiert. Ein Vergleich der
abgeleiteten Proteinsequenz mit der EMBL Gen-Datenbank (Heidelberg) ergab
Ähnlichkeiten zu allen bekannten Pyruvat-Carboxylasen. Die höchste Identität (62%)
wurde zur putativen Pyruvat-Carboxylase aus *Mycobacterium tuberculosis* (EMBL-
GenBank: Accession Nr. U00024) gefunden. Die Ähnlichkeit betrug, unter
20 Berücksichtigung konservierter Aminosäureaustausche, 76%. Ein Vergleich mit den
Pyruvat-Carboxylasen anderer Organismen ergab 46 bis 47% identische und 64 bis
65% ähnliche Aminosäuren (Gene 1997, 191: 47-50; J Bacteriol 1996, 178: 5960-
5970; Proc Natl Acad Sci USA 1993, 90: 1766-1770; Biochem J 1996, 316: 631-637;
EMBL-GenBank: Accession Nr. L36530; J Biol Chem 1988, 263: 11493-11497; Mol
25 Gen Genet 1991, 229: 307-315). Aus diesen Ergebnissen wurde geschlossen, daß das
klonierte Fragment das Gen für die Pyruvat-Carboxylase aus *C. glutamicum* trägt. Die
Nukleotidsequenz des Gens ist unter SEQ ID No.1 und die entsprechende
Aminosäuresequenz unter SEQ ID No. 2 angegeben.

3. Überexpression des Pyruvat-Carboxylase-Gens

5 Zur Überexpression des Gens für die Pyruvat-Carboxylase aus *C. glutamicum* wurde das Gen aus dem Plasmid pUCpyc als 6,2 kb SspI-Scal-Fragment in den *E. coli*-*C. glutamicum*-Pendelvektor pEK0 (Gene 1991, 102: 93-98) kloniert, der mit den Restriktionsendonukleasen EcoRI und PstI geschnitten wurde. Mittels Klenow-Polymerase-Behandlung wurden die überhängenden Enden zu glatten Enden 10 aufgefüllt (EcoRI) bzw. abgedaut (PstI), und der linearisierte Vektor wurde mit dem 6,2 kb SspI-Scal-Fragment ligiert. Das erhaltene Konstrukt pEK0pyc wurde zunächst in den Stamm *E. coli* DH5 α transformiert, die Plasmid-DNA auf den erhaltenen Transformanden isoliert und auf die Richtigkeit des Inserts durch Restriktion kontrolliert. Die DNA wurde anschließend in den Stamm SP733 durch 15 Elektroporation eingebracht (FEMS Microbiol Lett 1989, 65: 299-304). Bei diesem Stamm handelt es sich um eine Mutante des restriktionsnegativen *C. glutamicum* Stammes R127 (Dechema Biotechnology Conference 1990, 4: 323-327, Verlag Chemie), die durch chemische Mutagenese erhalten worden war und sich dadurch auszeichnet, daß sie nicht auf Minimalmedium mit Pyruvat und Lactat als einziger 20 Kohlenstoffquelle wachsen kann (Microbiology 1997, 143: 1095-1103). Dieser Phänotyp wird durch einen Defekt in der Pyruvat-Carboxylase hervorgerufen und konnte durch das Einbringen des Pyruvat-Carboxylase-Gens aus *C. glutamicum* komplementiert werden, d.h. der Stamm, der das Plasmid pEK0pyc trägt, war im Gegensatz zum Ausgangsstamm wieder in der Lage auf Minimalmedium mit Lactat 25 als einziger Kohlenstoffquelle zu wachsen. Damit war auch der Beweis erbracht, daß das Gen für eine funktionelle Pyruvat-Carboxylase kodiert.

Darüber hinaus wurde das Plasmid pEK0pyc in den *C. glutamicum* Wildtyp ATCC 13032 durch Elektroporation transformiert. Der resultierende Stamm WT (pEK0pyc)

wurde im Vergleich zum Wildtyp ATCC 13032 bezüglich seiner Pyruvat-Carboxylase-Aktivität untersucht. Die Stämme wurden in Komplexmedium (Luria-Bertani, Molecular Cloning, A laboratory manual, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) mit 0,5 % Lactat und auf Minimalmedium mit 2 % Lactat bzw. 4 % Glukose gezüchtet, und der Pyruvat-Carboxylase-Test wurde entsprechend der Methode, wie sie bei Peters-Wendisch et al. (Microbiology 1997, 143: 1095-1103) beschrieben wurde, durchgeführt. Das Ergebnis der Analyse (Tabelle 1) zeigt, daß die Pyruvat-Carboxylase-Aktivität im pEK0-pyc-tragenden Stamm ca. 4-fach höher als im Ausgangsstamm war.

4. Gesteigerte Akkumulation von Lysin durch Überexpression des Pyruvat-Carboxylase-Gens im Stamm *C. glutamicum* DG52-5

Zur Untersuchung der Auswirkung der Überexpression des Gens für die Pyruvat-Carboxylase in dem Lysin-Produktionsstamm DG52-5 (J Gen Microbiol 1988, 134: 3221-3229) wurde der Expressionsvektor pVWEX1 verwendet, der eine IPTG-induzierbare Expression erlaubt. In diesen Vektor wurde das pyc Gen promotorlos hinein kloniert. Dazu wurden zunächst PCR-Primer (Primer 1 = Position 112 - 133; Primer 2 = Position 373 bis 355 in der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID No. 1) synthetisiert und 261 bp des promotorlosen Anfangsbereichs des Pyruvat-Carboxylase-Gens mittels PCR amplifiziert. Die Primer wurden so gewählt, daß Primer 1 eine PstI-Schnittstelle vermittelt und Primer 2 eine BamHI-Schnittstelle. Nach der PCR wurde das erhaltene 274 bp PCR-Produkt isoliert, zu Konkatemerien ligiert und anschließend mit den Restriktionsenzymen PstI und BamHI geschnitten. Der Restriktionsansatz wurde durch Ethanol-Fällung ankonzentriert und anschließend mit dem PstI-BamHI-geschnittenen Vektor pVWEX1 ligiert. Das erhaltene Konstrukt

pVWEX1-PCR wurde durch Restriktion getestet. Der Endbereich des pyc Gens wurde durch RcaI-Klenow-SalI-Behandlung aus dem Vektor pEK0pyc isoliert und in den BamHI-Klenow-SalI behandelten Vektor pVWEX1-PCR ligiert. Das erhaltene Konstrukt pVWEX1pyc wurde durch Restriktionskartierung analysiert. Eine physikalische Karte des Plasmids ist in Figur 2 gezeigt.

Das Plasmid wurde durch Elektroporation in den *C. glutamicum* Stamm DG52-5 eingebbracht. Als Kontrolle wurde der Stamm DG52-5 mit dem Vektor pVWEX1 ohne Insert transformiert und die L-Lysinausscheidung jeweils drei verschiedener Transformanden verglichen. Dazu wurden DG52-5(pVWEX1)1, 2 und 3 sowie DG52-5(pVWEX1pyc)3, 4 und 6 in Komplexmedium (2xTY; Molecular Cloning, A laboratory manual, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press; mit 50 µg/l Kanamycin) gezüchtet und das Fermentationsmedium CGXII (J Bacteriol 1993, 175: 5595-5603) jeweils aus den Vorkulturen getrennt beimpft. Das Medium enthielt zusätzlich Kanamycin, um die Plasmide stabil zu halten. Es wurden jeweils zwei parallele Ansätze durchgeführt, wobei einem Kolben 200 µg IPTG/ml zugesetzt wurde, während der zweite Kolben kein IPTG enthielt. Nach Kultivierung für 48 Stunden bei 30°C auf dem Rotationsschüttler bei 120 Upm wurde die in das Medium akkumulierte Lysinmenge bestimmt. Die Bestimmung der Aminosäurekonzentration erfolgte mittels Hochdruckflüssigkeitschromatographie (J Chromat 1983, 266: 471-482). Das Ergebnis der Fermentation ist in Tabelle 2 dargestellt, wobei die angegebenen Werte Mittelwerte aus jeweils drei Experimenten mit unterschiedlichen Klonen darstellen. Es zeigte sich, daß die Überexpression des Pyruvat-Carboxylase-Gens zu einer um 50 % gesteigerten Akkumulation von Lysin im Medium führt. Somit stellt die Nutzung des entdeckten und beschriebenen Gens für das anaplerotische Enzym Pyruvat-Carboxylase ein Verfahren dar, um die L-Lysinbildung entscheidend zu verbessern.

5 **5. Gesteigerte Akkumulation von Threonin und Homoserin durch
Überexpression des Pyruvat-Carboxylase-Gens im Stamm *C. glutamicum*
DM368-3**

Analog zu den Experimenten zur L-Lysin-Bildung wurde auch die Akkumulation von Threonin im Kulturüberstand durch Überexpression des Gens für die Pyruvat-Carboxylase untersucht. Hierzu wurde, wie unter Punkt 4 beschrieben, der Threoninproduktionsstamm *C. glutamicum* DM368-3 (Degussa AG) mit dem Plasmid pVWEX1pyc sowie zur Kontrolle mit dem Plasmid pVWEX1 transformiert und die Threoninausscheidung von jeweils drei verschiedenen Transformanden untersucht. Dazu wurden DM368-3(pVWEX1)1, 2 und 3 sowie DM368-3(pVWEX1pyc)1, 2 und 3 in Komplexmedium (2xTY mit 50 µg/l Kanamycin) gezüchtet und das 10 Fermentationsmedium CGXII (J Bacteriol 1993, 175: 5595-5603) jeweils aus den Vorkulturen getrennt beimpft. Das Medium enthielt zusätzlich Kanamycin, um die Plasmide stabil zu halten. Es wurden zwei parallele Ansätze durchgeführt, wobei einem Kolben 200 µ IPTG/ml zugesetzt wurde, während der zweite Kolben kein IPTG enthielt. Nach Kultivierung für 48 Stunden bei 30°C auf dem Rotationsschüttler 15 bei 120 Upm wurde die in das Medium akkumulierte Threoninmenge bestimmt. Die Bestimmung der Aminosäurekonzentration erfolgte ebenfalls mittels Hochdruck-Flüssigkeitschromatographie (J Chromat 1983, 266: 471-482). Das Ergebnis der Fermentation ist in Tabelle 3 dargestellt, wobei die angegebenen Werte Mittelwerte aus jeweils drei Experimenten mit unterschiedlichen Klonen darstellen. Es zeigte sich, 20 daß die Überexpression des Pyruvat-Carboxylase-Gens zu einer ca. 40%igen Steigerung der Threoninkonzentration im Medium führt. Somit stellt die Nutzung des endekten und beschriebenen Gens für das anaplerotische Enzym Pyruvat-Carboxylase ein Verfahren dar, um die L-Threoninbildung entscheidend zu verbessern.

Desweiteren zeigte die Aminosäurekonzentrationsbestimmung, daß überraschenderweise der Stamm mit überexprimiertem Pyruvat-Carboxylase-Gen 5 außerdem etwa 150% mehr Homoserin ins Medium ausschied als der Stamm mit nicht überexprimiertem Gen. Die entsprechenden Ergebnisse sind ebenfalls in Tabelle 3 dargestellt. Sie machen deutlich, daß durch das erfundungsgemäße Verfahren sowohl die Threonin- als auch die Homoserinbildung entscheidend verbessert werden kann.

P a t e n t a n s p r ü c h e

- 10 1. Verfahren zur mikrobiellen Herstellung von Aminosäuren der Aspartat- und/oder Glutamatsfamilie, bei dem die Pyruvat-Carboxylase-Aktivität durch genetische Veränderung des Enzyms und / oder die Pyruvat-Carboxylase-Genexpression eines die entsprechende Aminosäure produzierenden Mikroorganismus erhöht wird.
- 15 2. Verfahren nach Anspruch 1,
dadurch gekennzeichnet,
daß durch Mutation des endogenen Pyruvat-Carboxylase-Gens ein Enzym mit höherer Pyruvat-Carboxylase-Aktivität erzeugt wird.
- 20 3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2,
dadurch gekennzeichnet,
daß die Genexpression der Pyruvat-Carboxylase durch Erhöhen der Genkopienzahl erhöht wird.
- 25 4. Verfahren nach Anspruch 3,
dadurch gekennzeichnet,
daß zur Erhöhung der Genkopienzahl das Pyruvat-Carboxylase-Gen in ein Genkonstrukt eingebaut wird.

5. Verfahren nach Anspruch 4,
dadurch gekennzeichnet,
daß das Gen in ein Genkonstrukt eingebaut wird, das dem Pyruvat-Carboxylase-Gen zugeordnete regulatorische Gensequenzen enthält.

6. Verfahren nach Anspruch 4 oder 5,
dadurch gekennzeichnet,
daß ein die entsprechende Aminosäure produzierender Mikroorganismus mit dem das Gen enthaltende Genkonstrukt transformiert wird.

7. Verfahren nach Anspruch 6,
dadurch gekennzeichnet,
daß ein Mikroorganismus der Gattung Corynebacterium mit dem das Gen enthaltende Genkonstrukt transformiert wird.

8. Verfahren nach Anspruch 6 oder 7,
dadurch gekennzeichnet,
daß für die Transformation ein Mikroorganismus eingesetzt wird, in dem die an der Synthese der entsprechenden Aminosäure beteiligten Enzyme dereguliert sind und / oder die eine erhöhte Exportcarrier-Aktivität für die entsprechende Aminosäure aufweisen.

9. Verfahren nach einem der Ansprüche 6 bis 8,
dadurch gekennzeichnet,
daß für die Transformation ein Mikroorganismus eingesetzt wird, der einen erhöhten Anteil an den an der Synthese der entsprechenden Aminosäure beteiligten Zentralstoffwechselmetaboliten enthält.

10. Verfahren nach einem der Ansprüche 6 bis 9,
dadurch gekennzeichnet,
5 daß für die Transformation ein Mikroorganismus eingesetzt wird, bei dem ein zu dem entsprechenden Aminosäurebiosyntheseweg konkurrierender Biosyntheseweg mit verminderter Aktivität abläuft.
11. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
10 daß das Pyruvat-Carboxylase-Gen aus einem Mikroorganismus-Stamm der Gattung *Corynebacterium* isoliert wird.
12. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
15 daß die Genexpression durch Verstärkung der Transkriptionssignale erhöht wird.
13. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
20 daß dem Pyruvat-Carboxylase-Gen der tac-Promotor vorgeschaltet wird.
14. Verfahren nach Anspruch 13,
gekennzeichnet durch
25 dem tac-Promotor zugeordnete regulatorische Sequenzen.
15. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
30 daß als Pyruvat-Carboxylase-Gen ein Gen mit einer für die unter SEQ ID No. 2 angegebenen Aminosäuresequenz und deren Allelvariationen

kodierenden Nukleotidsequenz eingesetzt wird.

5 16. Verfahren nach Anspruch 15,
 dadurch gekennzeichnet,
 daß als Pyruvat-Carboxylase-Gen ein Gen mit der Nukleotidsequenz von
 Nukleotid 165 bis 3587 gemäß SEQ ID No. 1 oder einer im wesentlichen
 gleichwirkenden DNA-Sequenz eingesetzt wird.

10 17. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche zur Herstellung von
 Lysin, Threonin, Homoserin, Glutamat und/oder Arginin.

15 18. Pyruvat-Carboxylase-Gen mit einer für die unter SEQ ID No. 2
 angegebenen Aminosäuresequenz und / oder deren Allelvariationen
 kodierenden Nukleotidsequenz.

20 19. Pyruvat-Carboxylase-Gen nach Anspruch 18 mit der Nukleotidsequenz von
 Nukleotid 165 bis 3587 gemäß SEQ ID Nr. 1 oder einer im wesentlichen
 gleichwirkenden DNA-Sequenz.

25 20. Pyruvat-Carboxylase-Gen nach Anspruch 18 oder 19 mit einem
 vorgeschalteten Promotor der Nukleotidsequenz von Nukleotid 20 bis 109
 gemäß SEQ ID No. 1 oder einer im wesentlichen gleichwirkenden DNA-
 Sequenz.

30 21. Pyruvat-Carboxylase-Gen nach Anspruch 18 oder 19 mit vorgeschaltetem
 tac-Promotor

22. Pyruvat-Carboxylase-Gen nach Anspruch 21 mit dem Promotor zugeordneten regulatorischen Sequenzen.

5

23. Pyruvat-Carboxylase-Gen nach einem der Ansprüche 18 bis 20 mit diesem zugeordnete regulatorische Gensequenzen.

10

24. Genstruktur, enthaltend ein Pyruvat-Carboxylase-Gen nach einem der Ansprüche 18 bis 23.

25. Vektor, enthaltend ein Pyruvat-Carboxylase-Gen nach einem der Ansprüche 18 bis 23 oder eine Genstruktur nach Anspruch 24.

15

26. Transformierte Zelle, enthaltend in replizierbarer Form ein Pyruvat-Carboxylase-Gen nach einem der Ansprüche 18 bis 23 oder eine Genstruktur nach Anspruch 24.

20

27. Transformierte Zelle nach Anspruch 26, enthaltend einen Vektor nach Anspruch 25.

25

28. Transformierte Zelle nach Anspruch 26 oder 27,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie der Gattung Corynebacterium angehört.

30

29. Transformierte Zelle nach einem der Ansprüche 26 bis 28,
dadurch gekennzeichnet,
daß in dieser die an der Synthese der entsprechenden Aminosäure beteiligten Enzyme und / oder die am Export der entsprechenden Aminosäure beteiligten Enzyme dereguliert sind.

30. Transformierte Zelle nach einem der Ansprüche 26 bis 29,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie einen erhöhten Anteil an den an der Synthese der entsprechenden
Aminosäure beteiligten Zentralstoffwechselmetaboliten enthält.

5
31. Transformierte Zelle nach einem der Ansprüche 26 bis 30,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie einen erniedrigten Anteil an den nicht an der Synthese der
entsprechenden Aminosäure beteiligten Zentralstoffwechselmetaboliten
enthält.

10
32. Verwendung eines Pyruvat-Carboxylase-Gens zur Steigerung der
Produktion von aus der Aspartat- und/oder Glutamatfamilie stammenden
Aminosäuren von Mikroorganismen.

15
33. Verwendung nach Anspruch 32,
dadurch gekennzeichnet,
daß ein mutiertes Pyruvat-Carboxylase-Gen, das für ein Enzym mit erhöhter
Pyruvat-Carboxylase-Aktivität kodiert, verwendet wird.

20
34. Verwendung nach Anspruch 32 oder 33,
dadurch gekennzeichnet,
daß der die entsprechende Aminosäure produzierende Mikroorganismus mit
einem Genkonstrukt, das ein Pyruvat-Carboxylase-Gen enthält, transformiert
wird.

35. Verwendung nach Anspruch 34,

dadurch gekennzeichnet,

5 daß das Genkonstrukt zusätzlich regulatorische Gensequenzen enthält.

36. Verwendung nach einem der Ansprüche 32 bis 35,

dadurch gekennzeichnet,

daß ein Pyruvat-Carboxylase-Gen aus *Corynebacterium* verwendet wird.

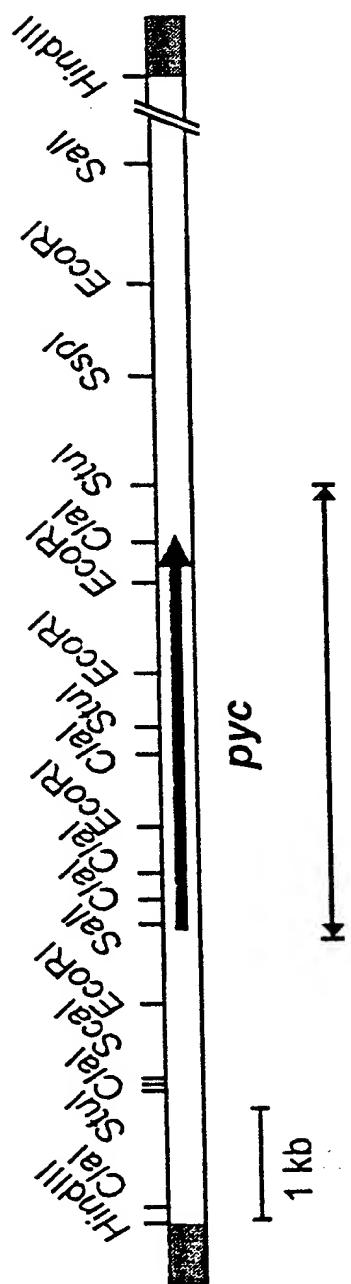
10

37. Verwendung nach einem der Ansprüche 32 bis 36,

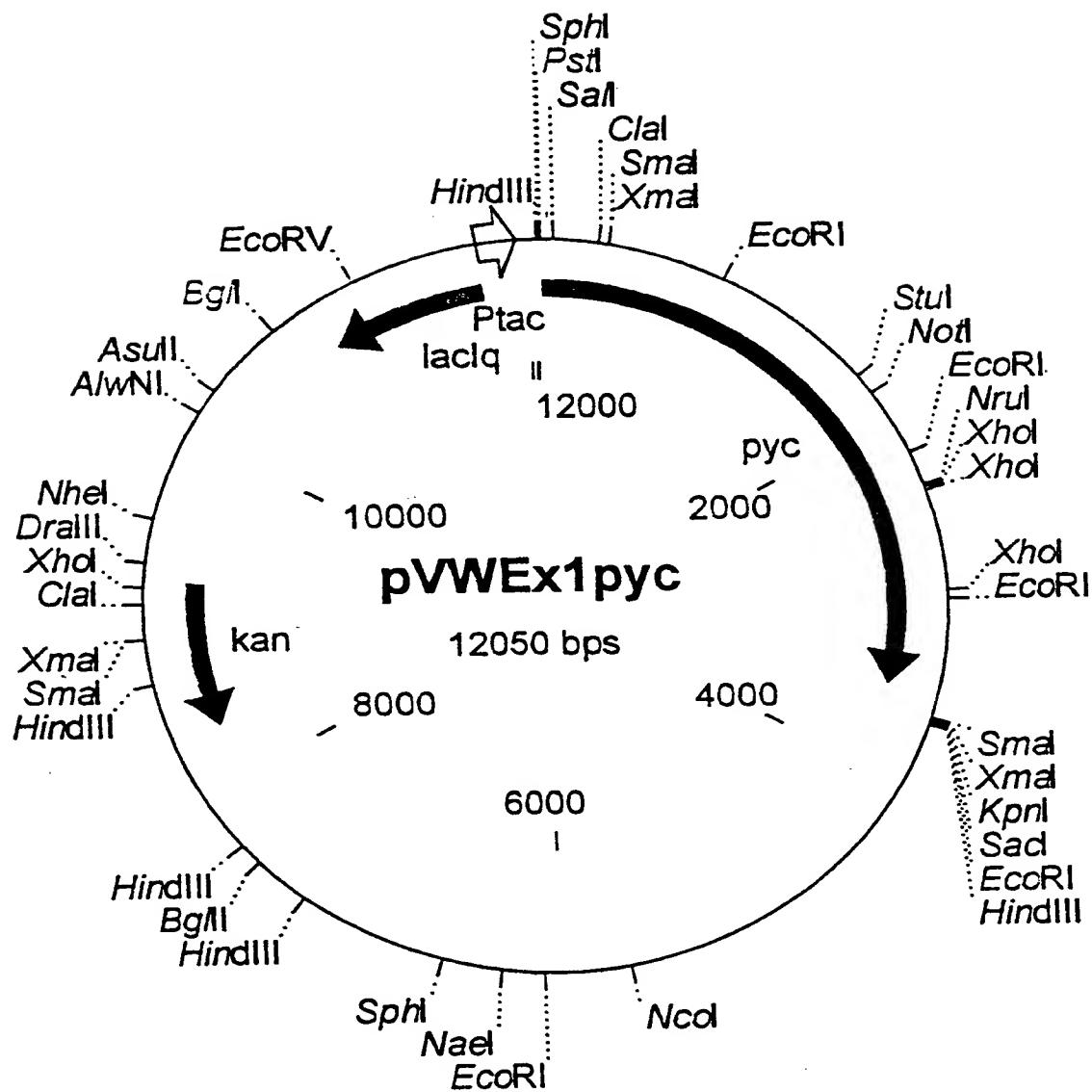
dadurch gekennzeichnet,

daß als Aminosäure-produzierender Mikroorganismus *Corynebacterium* verwendet wird.

15



Figur 1



Figur 2

Stamm	IPTG [μ g/ml]	Pyruvat-Carboxylase [nmol min $^{-1}$ mg Trockengewicht $^{-1}$]
13032(pEK0pyc)	0	75 \pm 13
ATCC 13032	0	19 \pm 4
DG52-5(pVWEX1pyc)	200	88 \pm 13
	0	11 \pm 2
DG52-5(pVWEX1)	200	5 \pm 2
	0	6 \pm 1
DM368-3(pVWEX1pyc)	200	76 \pm 10
	0	12 \pm 3
DM368-3(pVWEX1)	200	10 \pm 1
	0	11 \pm 2

Tabelle 1

Stamm	IPTG [µg/ml]	Lysin [mM]
DG52-5(pVWEX1pyc)	200	35,4 ± 2,6
	0	23,6 ± 2,9
DG52-5(pVWEX1)	200	23,3 ± 2,9
	0	22,1 ± 4,0

Tabelle 2

Stamm	IPTG [µg/ml]	Threonin [mM]	Homoserin [mM]
DM368-3(pVWEX1pyc)	200	10,2 ± 0,5	14,4 ± 1,2
	0	7,9 ± 1,0	5,6 ± 0,2
DM368-3(pVWEX1)	200	8,0 ± 0,5	5,8 ± 0,7
	0	7,5 ± 0,8	6,1 ± 1,0

Tabelle 3

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: Forschungszentrum Juelich GmbH
- (B) STRASSE: Postfach 1913
- (C) ORT: Juelich
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POSTLEITZAHL: 52425

(ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Pyruvat Carboxylase

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 2

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

- (A) DATENTRÄGER: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 3728 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Génom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CGCAACCGTG CTTGAAGTCG TGCAGGTCA	GGGAGTGTTG CCCGAAAACA TTGAGAGGAA	60
AACAAAAACC GATGTTTGAT TGGGGGAATC	GGGGGTTACG ATACTAGGAC GCAGTGACTG	120
CTATCACCCCT TGGCGGTCTC TTGTTGAAAG	GAATAATTAC TCTAGTGTG ACTCACACAT	180
CTTCAACGCT TCCAGCATT	AAAAAGATCT TGGTAGCAAA CCGCGGCGAA ATCGCGGTCC	240
GTGCTTTCCG TGCAGCACTC	GAAACCGGTG CAGCCACGGT AGCTATTTAC CCCCGTGAAG	300
ATCGGGGATC ATTCCACCGC	TCTTTGCTT CTGAAGCTGT CCGCATTGGT ACCGAAGGCT	360
CACCAAGTCAA GGCACCTG	GACATCGATG AAATTATCGG TGCAGCTAAA AAAGTTAAAG	420
CAGATGCCAT TTACCCGGGA	TACGGCTTCC TGTCTGAAAA TGCCCAGCTT GCCCGCGAGT	480

GTGCGGAAAA CGGCATTACT TTTATTGCC CAACCCCAGA GGTTCTTGAT CTCACCGGTG	540
ATAAGTCTCG CGCGGTAACC GCGCGAAGA AGGCTGGTCT GCCAGTTTG GCGGAATCCA	600
CCCCGAGCAA AAACATCGAT GAGATCGTTA AAAGCGCTGA AGGCCAGACT TACCCCATCT	660
TTGTGAAGGC AGTTGCCGGT GGTGGCGGAC GCGGTATGCG TTTTGTGCT TCACCTGATG	720
AGCTTCGCAA ATTAGCAACA GAAGCATCTC GTGAAGCTGA AGCGGCTTC GGCGATGGCG	780
CGGTATATGT CGAACGTGCT GTGATTAACC CTCAGCATAT TGAAGTGCAG ATCCTGGCG	840
ATCACACTGG AGAAGTTGTA CACCTTATG AACGTGACTG CTCACTGCAG CGTCGTCAACC	900
AAAAAGTTGT CGAAATTGCG CCAGCACAGC ATTTGGATCC AGAACTGCGT GATGCATT	960
GTGCGGATGC AGTAAAGTTC TGCCGCTCCA TTGGTTACCA GGGCGCGGG ACCGTGGAAT	1020
TCTTGGTCGA TGAAAAGGGC AACCACGTCT TCATCGAAAT GAACCCACGT ATCCAGGTTG	1080
AGCACACCGT GACTGAAGAA GTCACCGAGG TGGACCTGGT GAAGGCGCAG ATGCGCTTGG	1140
CTGCTGGTGC AACCTTGAAG GAATTGGTC TGACCCAAGA TAAGATCAAG ACCCACGGTG	1200
CAGCACTGCA GTGCCGCATC ACCACGGAAG ATCCAAACAA CGGCTTCCGC CCAGATAACCG	1260
GAACATATCAC CGCGTACCGC TCACCAGGCG GAGCTGGCGT TCGTCTTGAC GGTGCAGCTC	1320
AGCTCGGTGG CGAAATCACC GCACACTTG ACTCCATGCT GGTGAAAATG ACCTGCCGTG	1380
GTTCCGACTT TGAAACTGCT GTTGCTCGTG CACAGCGCC GTTGGCTGAG TTCACCGTGT	1440
CTGGTGTGCA AACCAACATT GGTTCTTGC GTGCGTTGCT GCGGGAAAGAG GACTTCACTT	1500
CCAAGCGCAT CGCCACCGGA TTCATTGCCG ATCACCCGCA CCTCCTTCAG GCTCCACCTG	1560
CTGATGATGA GCAGGGACGC ATCCTGGATT ACTTGGCAGA TGTCACCGTG AACAAAGCCTC	1620
ATGGTGTGCG TCCAAAGGAT GTTGCAGCTC CTATCGATAA GCTGCCTAAC ATCAAGGATC	1680
TGCCACTGCC ACGCGGTTCC CGTGACCGCC TGAAGCAGCT TGGCCCAGCC GCGTTTGCTC	1740
GTGATCTCCG TGAGCAGGAC GCACTGGCAG TTACTGATAC CACCTTCCGC GATGCACACC	1800
AGTCTTGCT TGCGACCCGA GTCCGCTCAT TCGCACTGAA GCCTGCGGCA GAGGCCGTG	1860
CAAAGCTGAC TCCTGAGCTT TTGTCCGTGG AGGCCTGGGG CGGCGCGACC TACGATGTGG	1920
CGATGCGTTT CCTCTTGAG GATCCGTGGG ACAGGCTCGA CGAGCTGCGC GAGGCGATGC	1980
CGAATGTAAA CATTCAAGATG CTGCTTCGCG GCCGCAACAC CGTGGGATAC ACCCCGTACC	2040
CAGACTCCGT CTGCCGCGCG TTTGTTAAGG AAGCTGCCAG CTCCGGCGTG GACATCTTCC	2100

GCATCTTCGA CGCGCTTAAC GACGTCTCCC AGATGCGTCC AGCAATCGAC GCAGTCCTGG	2160
AGACCAACAC CGCGGTAGCC GAGGTGGCTA TGGCTTATTTC TGGTGATCTC TCTGATCCAA	2220
ATGAAAAGCT CTACACCCCTG GATTACTACC TAAAGATGGC AGAGGAGATC GTCAAGTCTG	2280
GCGCTCACAT CTTGGCCATT AAGGATATGG CTGGTCTGCT TCGCCCAGCT GCGGTAACCA	2340
AGCTGGTCAC CGCACTGCGC CGTGAATTG ATCTGCCAGT GCACGTGCAC ACCCACGACA	2400
CTGCGGGTGG CCAGCTGGCA ACCTACTTTG CTGCAGCTCA AGCTGGTGCA GATGCTGTTG	2460
ACGGTGCTTC CGCACCACTG TCTGGCACCA CCTCCCAGCC ATCCCTGTCT GCCATTGTTG	2520
CTGCATTCGC GCACACCCGT CGCGATACCG GTTTGAGCCT CGAGGCTGTT TCTGACCTCG	2580
AGCCGTACTG GGAAGCAGTG CGCGGACTGT ACCTGCCATT TGAGTCTGGA ACCCCAGGCC	2640
CAACCGGTG CCGTCTACCGC CACGAAATCC CAGGCGGACA GTTGTCCAAC CTGCGTGCAC	2700
AGGCCACCGC ACTGGGCCTT GCGGATCGTT TCGAACTCAT CGAAGACAAC TACGCAGCCG	2760
TTAATGAGAT GCTGGGACGC CCAACCAAGG TCACCCCATC CTCCAAGGTT GTTGGCGACC	2820
TCGCACTCCA CCTCGTTGGT GCGGGTGTGG ATCCAGCAGA CTTTGCTGCC GATCCACAAA	2880
AGTACGACAT CCCAGACTCT GTCATCGCGT TCCTGCGCG CGAGCTTGGT AACCCCTCCAG	2940
GTGGCTGGCC AGAGCCACTG CGCACCCCGCG CACTGGAAGG CCGCTCCGAA GGCAAGGCAC	3000
CTCTGACGGA AGTTCTGAG GAAGAGCAGG CGCACCTCGA CGCTGATGAT TCCAAGGAAC	3060
GTCGCAATAG CCTCAACCGC CTGCTGTTCC CGAAGCCAAC CGAAGAGTTC CTCGAGCACC	3120
GTCGCCGCTT CGGCAACACC TCTGCGCTGG ATGATCGTGA ATTCTCTAC GGCTGGTCG	3180
AAGGCCGCGA GACTTGATC CGCCTGCCAG ATGTGCGCAC CCCACTGCTT GTTCGCCTGG	3240
ATGCGATCTC TGAGCCAGAC GATAAGGGTA TGCAGCAATGT TGTGGCCAAC GTCAACGGCC	3300
AGATCCGCCA AATGCGTGTG CGTGACCGCT CCGTTGAGTC TGTCACCGCA ACCGCAGAAA	3360
AGGCAGATTC CTCCAACAAG GGCCATGTTG CTGCACCATT CGCTGGTGTGTT GTCACCGTGA	3420
CTGTTGCTGA AGGTGATGAG GTCAAGGCTG GAGATGCAGT CGCAATCATC GAGGCTATGA	3480
AGATGGAAGC AACAAATCACT GCTTCTGTTG ACGGCAAAAT CGATCGCGTT GTGGTTCTG	3540
CTGCAACGAA GGTGGAAGGT GGCGACTTGA TCGTCGTCGT TTCTAAACC TTTCTGTAAA	3600
AAGCCCCGCG TCTTCCTCAT GGAGGAGGCG GGGCTTTTG GGCCAAGATG GGAGATGGT	3660
GAGTTGGATT TGGTCTGATT CGACACTTTT AAGGGCAGAG ATTTGAAGAT GGAGACCAAG	3720

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 1140 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

Met Ser Thr His Thr Ser Ser Thr Leu Pro Ala Phe Lys Lys Ile Leu
1 5 10 15

Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile Ala Val Arg Ala Phe Arg Ala Ala Leu
20 25 30

Glu Thr Gly Ala Ala Thr Val Ala Ile Tyr Pro Arg Glu Asp Arg Gly
35 40 45

Ser Phe His Arg Ser Phe Ala Ser Glu Ala Val Arg Ile Gly Thr Glu
50 55 60

Gly Ser Pro Val Lys Ala Tyr Leu Asp Ile Asp Glu Ile Ile Gly Ala
65 70 75 80

Ala Lys Lys Val Lys Ala Asp Ala Ile Tyr Pro Gly Tyr Gly Phe Leu
85 90 95

Ser Glu Asn Ala Gln Leu Ala Arg Glu Cys Ala Glu Asn Gly Ile Thr
100 105 110

Phe Ile Gly Pro Thr Pro Glu Val Leu Asp Leu Thr Gly Asp Lys Ser
115 120 125

Arg Ala Val Thr Ala Ala Lys Lys Ala Gly Leu Pro Val Leu Ala Glu
130 135 140

Ser Thr Pro Ser Lys Asn Ile Asp Glu Ile Val Lys Ser Ala Glu Gly
145 150 155 160

Gln Thr Tyr Pro Ile Phe Val Lys Ala Val Ala Gly Gly Gly Arg
165 170 175

Gly Met Arg Phe Val Ala Ser Pro Asp Glu Leu Arg Lys Leu Ala Thr
180 185 190

Glu Ala Ser Arg Glu Ala Glu Ala Phe Gly Asp Gly Ala Val Tyr

195 200 205

Val Glu Arg Ala Val Ile Asn Pro Gln His Ile Glu Val Gln Ile Leu
210 215 220

Gly Asp His Thr Gly Glu Val Val His Leu Tyr Glu Arg Asp Cys Ser
225 230 235 240

Leu Gln Arg Arg His Gln Lys Val Val Glu Ile Ala Pro Ala Gln His
245 250 255

Leu Asp Pro Glu Leu Arg Asp Arg Ile Cys Ala Asp Ala Val Lys Phe
260 265 270

Cys Arg Ser Ile Gly Tyr Gln Gly Ala Gly Thr Val Glu Phe Leu Val
275 280 285

Asp Glu Lys Gly Asn His Val Phe Ile Glu Met Asn Pro Arg Ile Gln
290 295 300

Val Glu His Thr Val Thr Glu Glu Val Thr Glu Val Asp Leu Val Lys
305 310 315 320

Ala Gln Met Arg Leu Ala Ala Gly Ala Thr Leu Lys Glu Leu Gly Leu
325 330 335

Thr Gln Asp Lys Ile Lys Thr His Gly Ala Ala Leu Gln Cys Arg Ile
340 345 350

Thr Thr Glu Asp Pro Asn Asn Gly Phe Arg Pro Asp Thr Gly Thr Ile
355 360 365

Thr Ala Tyr Arg Ser Pro Gly Gly Ala Gly Val Arg Leu Asp Gly Ala
370 375 380

Ala Gln Leu Gly Gly Glu Ile Thr Ala His Phe Asp Ser Met Leu Val
385 390 395 400

Lys Met Thr Cys Arg Gly Ser Asp Phe Glu Thr Ala Val Ala Arg Ala
405 410 415

Gln Arg Ala Leu Ala Glu Phe Thr Val Ser Gly Val Ala Thr Asn Ile
420 425 430

Gly Phe Leu Arg Ala Leu Leu Arg Glu Glu Asp Phe Thr Ser Lys Arg
435 440 445

Ile Ala Thr Gly Phe Ile Ala Asp His Pro His Leu Leu Gln Ala Pro
450 455 460

Pro Ala Asp Asp Glu Gln Gly Arg Ile Leu Asp Tyr Leu Ala Asp Val
465 470 475 480

Thr Val Asn Lys Pro His Gly Val Arg Pro Lys Asp Val Ala Ala Pro

	485	490	495
Ile Asp Lys Leu Pro Asn Ile Lys Asp Leu Pro Leu Pro Arg Gly Ser			
500	505	510	
Arg Asp Arg Leu Lys Gln Leu Gly Pro Ala Ala Phe Ala Arg Asp Leu			
515	520	525	
Arg Glu Gln Asp Ala Leu Ala Val Thr Asp Thr Thr Phe Arg Asp Ala			
530	535	540	
His Gln Ser Leu Leu Ala Thr Arg Val Arg Ser Phe Ala Leu Lys Pro			
545	550	555	560
Ala Ala Glu Ala Val Ala Lys Lys Thr Pro Glu Leu Leu Ser Val Glu			
565	570	575	
Ala Trp Gly Gly Ala Thr Tyr Asp Val Ala Met Arg Phe Leu Phe Glu			
580	585	590	
Asp Pro Trp Asp Arg Leu Asp Glu Leu Arg Glu Ala Met Pro Asn Val			
595	600	605	
Asn Ile Gln Met Leu Leu Arg Gly Arg Asn Thr Val Gly Tyr Thr Pro			
610	615	620	
Tyr Pro Asp Ser Val Cys Arg Ala Phe Val Lys Glu Ala Ala Ser Ser			
625	630	635	640
Gly Val Asp Ile Phe Arg Ile Phe Asp Ala Leu Asn Asp Val Ser Gln			
645	650	655	
Met Arg Pro Ala Ile Asp Ala Val Leu Glu Thr Asn Thr Ala Val Ala			
660	665	670	
Glu Val Ala Met Ala Tyr Ser Gly Asp Leu Ser Asp Pro Asn Glu Lys			
675	680	685	
Leu Tyr Thr Leu Asp Tyr Tyr Leu Lys Met Ala Glu Glu Ile Val Lys			
690	695	700	
Ser Gly Ala His Ile Leu Ala Ile Lys Asp Met Ala Gly Leu Leu Arg			
705	710	715	720
Pro Ala Ala Val Thr Lys Leu Val Thr Ala Leu Arg Arg Glu Phe Asp			
725	730	735	
Leu Pro Val His Val His Thr His Asp Thr Ala Gly Gly Gln Leu Ala			
740	745	750	
Thr Tyr Phe Ala Ala Ala Gln Ala Gly Ala Asp Ala Val Asp Gly Ala			
755	760	765	
Ser Ala Pro Leu Ser Gly Thr Thr Ser Gln Pro Ser Leu Ser Ala Ile			

770

775

780

Val Ala Ala Phe Ala His Thr Arg Arg Asp Thr Gly Leu Ser Leu Glu
785 790 795 800

Ala Val Ser Asp Leu Glu Pro Tyr Trp Glu Ala Val Arg Gly Leu Tyr
805 810 815

Leu Pro Phe Glu Ser Gly Thr Pro Gly Pro Thr Gly Arg Val Tyr Arg
820 825 830

His Glu Ile Pro Gly Gly Gln Leu Ser Asn Leu Arg Ala Gln Ala Thr
835 840 845

Ala Leu Gly Leu Ala Asp Arg Phe Glu Leu Ile Glu Asp Asn Tyr Ala
850 855 860

Ala Val Asn Glu Met Leu Gly Arg Pro Thr Lys Val Thr Pro Ser Ser
865 870 875 880

Lys Val Val Gly Asp Leu Ala Leu His Leu Val Gly Ala Gly Val Asp
885 890 895

Pro Ala Asp Phe Ala Ala Asp Pro Gln Lys Tyr Asp Ile Pro Asp Ser
900 905 910

Val Ile Ala Phe Leu Arg Gly Glu Leu Gly Asn Pro Pro Gly Gly Trp
915 920 925

Pro Glu Pro Leu Arg Thr Arg Ala Leu Glu Gly Arg Ser Glu Gly Lys
930 935 940

Ala Pro Leu Thr Glu Val Pro Glu Glu Gln Ala His Leu Asp Ala
945 950 955 960

Asp Asp Ser Lys Glu Arg Arg Asn Ser Leu Asn Arg Leu Leu Phe Pro
965 970 975

Lys Pro Thr Glu Glu Phe Leu Glu His Arg Arg Arg Phe Gly Asn Thr
980 985 990

Ser Ala Leu Asp Asp Arg Glu Phe Phe Tyr Gly Leu Val Glu Gly Arg
995 1000 1005

Glu Thr Leu Ile Arg Leu Pro Asp Val Arg Thr Pro Leu Leu Val Arg
1010 1015 1020

Leu Asp Ala Ile Ser Glu Pro Asp Asp Lys Gly Met Arg Asn Val Val
1025 1030 1035 1040

Ala Asn Val Asn Gly Gln Ile Arg Pro Met Arg Val Arg Asp Arg Ser
1045 1050 1055

Val Glu Ser Val Thr Ala Thr Ala Glu Lys Ala Asp Ser Ser Asn Lys

1060

1065

1070

Gly His Val Ala Ala Pro Phe Ala Gly Val Val Thr Val Thr Val Ala
1075 1080 1085

Glu Gly Asp Glu Val Lys Ala Gly Asp Ala Val Ala Ile Ile Glu Ala
1090 1095 1100

Met Lys Met Glu Ala Thr Ile Thr Ala Ser Val Asp Gly Lys Ile Asp
1105 1110 1115 1120

Arg Val Val Val Pro Ala Ala Thr Lys Val Glu Gly Asp Leu Ile
1125 1130 1135

Val Val Val Ser
1140

„Verfahren zur mikrobiellen Herstellung von Aminosäuren der Aspartat- und/oder
Glutamatfamilie und im Verfahren einsetzbare Mittel“

10

Zusammenfassung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur mikrobiellen Herstellung von
15 Aminosäuren der Aspartat- und/oder Glutamatfamilie, bei dem die Pyruvat-
Carboxylase-Aktivität durch genetische Veränderung des Enzyms und/oder die
Pyruvat-Carboxylase-Genexpression eines die entsprechende Aminosäure
produzierenden Mikroorganismus erhöht wird. Des Weiteren betrifft die vorliegende
20 Erfindung ein Pyruvat-Carboxylase-Gen sowie weitere, im erfundungsgemäßen
Verfahren einsetzbare Mittel.